



UNIVERSIDAD DE VALLADOLID

ESCUELA TÉCNICA SUPERIOR DE INGENIEROS DE.
TELECOMUNICACIÓN

TRABAJO FIN DE GRADO

GRADO EN INGENIERÍA DE TECNOLOGÍAS ESPECÍFICAS DE
TELECOMUNICACIÓN, MENCIÓN EN SISTEMAS DE
TELECOMUNICACIÓN

**Análisis de la saturación de oxígeno en sangre
para la ayuda al diagnóstico del Síndrome de
Apnea-hipopnea del Sueño en niños.**

Autor:

D. Fernando Vaquerizo Villar

Tutores:

Dr. D. Roberto Hornero Sánchez

Dr. D. Daniel Álvarez González

Valladolid, 8 de Julio de 2014

TÍTULO: **Análisis de la saturación de oxígeno en sangre para la ayuda al diagnóstico del Síndrome de Apnea-hipopnea del Sueño en niños.**

AUTOR: **D. Fernando Vaquerizo Villar**

TUTOR: **DR. D. Roberto Hornero Sánchez**
DR. D. Daniel Álvarez González

DEPARTAMENTO: **Teoría de la Señal y Comunicaciones e Ingeniería Telemática**

TRIBUNAL

PRESIDENTE: **Roberto Hornero Sánchez**

VOCAL: **María García Gadañón**

SECRETARIO **Jesús Poza Crespo**

SUPLENTE **Carlos Gómez Peña**

SUPLENTE **Miguel López Coronado**

FECHA: **8 DE JULIO DE 2014**

CALIFICACIÓN:

Resumen de TFG

El trabajo consiste en el análisis de la capacidad diagnóstica de la señal de saturación de oxígeno en sangre (SpO_2) procedente de la oximetría nocturna como alternativa a la polisomnografía en el diagnóstico del síndrome de la Apnea Hipopnea del sueño (SAHS) en niños. Para ello se ha contado con 50 registros (24 SAHS negativo y 26 SAHS positivo) correspondientes a niños de ambos sexos de 3 a 13 años con signos y síntomas indicativos de SAHS.

La metodología desarrollada en el estudio ha sido dividida en tres fases: extracción, selección y clasificación de características. En la primera fase se han aplicado momentos estadísticos, técnicas de análisis espectral y métodos no lineales a los registros de SpO_2 . En la segunda fase del estudio se ha seleccionado un conjunto reducido de parámetros para elegir de manera óptima toda la información útil relativa al diagnóstico. Para ello se han evaluado la selección de características bidireccional por pasos. Finalmente, en la tercera fase se ha realizado la clasificación mediante análisis discriminante lineal (LDA) y regresión logística (LR).

La evaluación de la capacidad diagnóstica de estos métodos se ha realizado en términos de sensibilidad, especificidad, precisión y análisis con curvas *Receiver Operating Characteristics* (ROC). La validación de los resultados se ha llevado a cabo mediante la técnica de validación cruzada dejando uno fuera.

Los resultados más notables se han alcanzado mediante el modelo LR formado por el momento estadístico de primer orden en el dominio del tiempo ($M1t$), el máximo de la densidad espectral de potencia (PSD) en la banda de interés (PA) y la complejidad de Lempel - Ziv (LZC). Con este modelo se ha conseguido una sensibilidad de 80.77%, una especificidad del 87.5 %, una precisión del 84% y un área bajo la curva ROC (AROC) de 0.8798.

Estos resultados sugieren que el análisis automático de las señales de SpO_2 , procedentes de la oximetría nocturna es una alternativa seria a la polisomnografía como método de ayuda al diagnóstico del SAHS infantil. Sería interesante que trabajos futuros ampliasen el número de registros utilizados y aplicasen nuevas técnicas de procesamiento de señal para tratar de aumentar la precisión.

Palabras clave

Síndrome de la Apnea Hipopnea del Sueño, saturación de oxígeno en sangre, extracción de características, selección de características, clasificación de características, Análisis discriminante Lineal, Regresión Logística.

Abstract

This work consists on the evaluation of the diagnostic ability of the blood oxygen saturation signal (SpO₂) from nocturnal oximetry as an alternative to polysomnography in the Sleep Apnea Hypopnea Syndrome (SAHS) diagnosis. For this purpose, 50 recordings (24 SAHS negative and 26 SAHS positive) from children from 3 to 13 years with signs and symptoms indicative for SAHS were analyzed.

The methodology developed in this study was divided into three phases: feature extraction, feature selection and feature classification. In the first phase, statistical moments, spectral analysis techniques and nonlinear methods were applied to the SpO₂ recordings. In the second phase of the study, a reduced set of features was selected in order to choose optimally all the useful information related to the diagnosis. For this purpose, bidirectional stepwise feature selection stepwise was assessed. Finally, in the third stage, classification by means of linear discriminant analysis (LDA) and logistic regression (LR) has been developed.

The assessment of diagnostic ability of these methods was carried out in terms of sensibility, specificity, accuracy and receiver operating characteristic (ROC) curves. Validation of results was done by means of leave-one-out cross validation.

Highest accuracy was reached by means of LR model with first order statistical moment in the time domain (M1t), peak amplitude of the power spectral density (PSD) in the band of interest (PA) and the Lempel-Ziv Complexity (LZC). With this model a sensibility of 80.77%, a specificity of 87.5%, an accuracy of 84% and an area under the ROC curve of 0.8798 were achieved.

This results suggest that automatic analysis of SpO₂ recordings from nocturnal oximetry is a serious alternative to polysomnography in pediatric SAHS diagnosis. Future works should analyze a larger dataset and apply new signal processing techniques in order to improve the accuracy.

Keywords

Sleep Apnea Hypopnea Syndrome, blood oxygen saturation, feature extraction, feature selection, feature classification, Linear Discriminant Analysis, Logistic Regression.

A todos los que alguna vez me han hecho sonreír

Agradecimientos

En primer lugar deseo agradecer a mis tutores del proyecto, el Dr. Roberto Hornero Sánchez y el Dr. Daniel Álvarez González, por la confianza que han demostrado hacia mí en todo momento. Toda la ayuda y paciencia de las que han dispuesto han posibilitado que el presente Trabajo Fin de Grado haya podido desarrollarse y concluir exitosamente.

También deseo agradecer la ayuda mostrada en todo momento por el resto de miembros del Grupo de Ingeniería Biomédica de la Universidad de Valladolid, que siempre han estado dispuestos a ayudar a la hora de resolver cada uno de los problemas con los que me he ido encontrando a lo largo de este estudio.

Gracias también a la Dra. María Luz Alonso Álvarez y al Dr. Joaquín Terán Santos, neumólogos del Hospital General Yagüe de Burgos, y al Dr. Félix del Campo, neumólogo del Hospital Universitario Pío del Río Hortega de Valladolid, por proporcionar los registros de saturación de oxígeno en sangre que se han empleado en este trabajo.

Finalmente, deseo agradecer muy especialmente a mi familia, a mis amigos y a mi novia, Sara, por la atención y paciencia mostrada durante estos años.

ÍNDICE DE CONTENIDOS

CAPÍTULO I: INTRODUCCIÓN	1
1.1 INTRODUCCIÓN.....	1
1.2 SÍNDROME DE LA APNEA HIPOPNEA DEL SUEÑO EN NIÑOS	3
1.3 OBJETIVOS	4
1.4 ESTRUCTURA.....	5
CAPÍTULO II: SÍNDROME DE LA APNEA HIPOPNEA DEL SUEÑO EN NIÑOS	7
2.1 INTRODUCCIÓN.....	7
2.2 CONCEPTOS CLAVE DEL SAHS	8
2.3 AFECCIONES RELACIONADAS	9
2.4 DIAGNÓSTICO DEL SAHS	11
2.5 TRATAMIENTO	12
CAPÍTULO III: SUJETOS Y SEÑALES	15
3.1 INTRODUCCIÓN.....	15
3.2 POBLACIÓN BAJO ESTUDIO	15
3.3 POLISOMNOGRAFÍA	16
3.4 POLIGRAFÍA RESPIRATORIA	17
3.4.1 SEÑAL DE SATURACIÓN DE OXÍGENO EN SANGRE.....	17
CAPÍTULO IV: METODOLOGÍA	19
4.1 INTRODUCCIÓN.....	19
4.2 EXTRACCIÓN DE CARACTERÍSTICAS	20
4.2.1 MOMENTOS ESTADÍSTICOS	20
4.2.2 ANÁLISIS ESPECTRAL	21
4.2.2.1 Determinación de la banda de interés.....	22
4.2.2.2 Parámetros espectrales.....	23
4.2.3 MÉTODOS NO LINEALES	24
4.3 SELECCIÓN DE CARACTERÍSTICAS BIDIRECCIONAL POR PASOS.....	30
4.4 CLASIFICACIÓN DE CARACTERÍSTICAS.....	33
4.4.1 ANÁLISIS DISCRIMINANTE LINEAL.....	34
4.4.2 REGRESIÓN LOGÍSTICA	34
4.5 ANÁLISIS ESTADÍSTICO	35
4.5.1 ESTACIONARIEDAD DE LA SEÑAL DE SPO ₂	35
4.5.2 TEST NO PARAMÉTRICO DE MANN-WHITNEY	36
4.5.3 MEDIDAS DE LA CAPACIDAD DE CLASIFICACIÓN DE UN TEST DIAGNÓSTICO	36
4.5.4 CURVAS <i>RECEIVER OPERATING CHARACTERISTICS</i> (ROC)	37
4.5.5 VALIDACIÓN CRUZADA	39
CAPÍTULO V: APLICACIÓN SOFTWARE	41

5.1 INTRODUCCIÓN.....	41
5.2 METODOLOGÍA DE DESARROLLO	41
5.2.1 ESPECIFICACIONES FUNCIONALES DEL SISTEMA	41
5.2.2 DISEÑO DE LA APLICACIÓN	44
5.2.2.1 Identificación de módulos funcionales	44
5.2.2.2 Espacio de trabajo y modos de funcionamiento.....	45
5.2.2.3 Representación de datos.....	48
5.2.2.4 Programación de las especificaciones. Integración en la aplicación.....	49
5.2.2.5 Pruebas de funcionamiento de la herramienta	50
5.2.2.6 Evaluación del funcionamiento final de la herramienta.	51
5.3 MANUAL DE USUARIO	52
5.3.1 INICIO DE LA APLICACIÓN	52
5.3.2 CARGA DE REGISTROS	53
5.3.3 EVOLUCIÓN TEMPORAL, HISTOGRAMA Y PSD DE LOS REGISTROS.....	59
5.3.4 CONFIGURACIÓN Y CÁLCULO DE LOS MÉTODOS DE EXTRACCIÓN DE CARACTERÍSTICAS.....	59
5.3.5 SELECCIÓN DE CARACTERÍSTICAS	62
5.3.6 VISUALIZACIÓN DE LOS RESULTADOS.....	63
5.3.7 ALMACENAMIENTO DE RESULTADOS.....	66
5.3.8 RESISTENCIA FRENTE A ERRORES	67
5.3.9 CONSEJOS DE FUNCIONAMIENTO Y MEJORAS DE LA APLICACIÓN	71
CAPÍTULO VI: RESULTADOS	73
6.1 INTRODUCCIÓN.....	73
6.2 EXTRACCIÓN DE CARACTERÍSTICAS. ANÁLISIS INDIVIDUAL.....	73
6.2.1 MOMENTOS ESTADÍSTICOS	74
6.2.2 ANÁLISIS ESPECTRAL	78
6.2.2.1 Banda de interés	78
6.2.2.2 Parámetros espectrales.....	79
6.2.3 PARÁMETROS NO LINEALES.	81
6.3 SELECCIÓN Y CLASIFICACIÓN DE CARACTERÍSTICAS	83
6.3.1 SELECCIÓN DE CARACTERÍSTICAS BIDIRECCIONAL PASO A PASO HACIA ADELANTE Y CLASIFICACIÓN MEDIANTE LDA	84
6.3.2 SELECCIÓN DE CARACTERÍSTICAS BIDIRECCIONAL PASO A PASO HACIA ADELANTE Y CLASIFICACIÓN MEDIANTE LR.....	84
6.3.3 COMPARACIÓN DE LAS METODOLOGÍAS DE ANÁLISIS	84
CAPÍTULO VII: DISCUSIÓN	87
7.1 INTRODUCCIÓN.....	87
7.2 EXTRACCIÓN DE CARACTERÍSTICAS	87
7.3 SELECCIÓN Y CLASIFICACIÓN DE CARACTERÍSTICAS	88
7.4 COMPARACIÓN CON OTROS ESTUDIOS	90
7.5 LIMITACIONES.....	94
CAPÍTULO VIII: CONCLUSIONES	97
8.1 INTRODUCCIÓN.....	97
8.2 CONTRIBUCIONES	98
8.3 CONCLUSIONES	99

8.4 LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN FUTURAS	100
BIBLIOGRAFÍA.....	103
APÉNDICE A: LISTADO DE CÓDIGO.....	115
A.1 CARGA DE DATOS	115
A.1.1 CARGAR_CONTROLES.M.....	115
A.1.2 CARGAR_ENFERMOS.M.....	117
A.1.3. ESCANEA2.M	119
A.2 PANTALLA PRINCIPAL.M	122
A.3 CONFIGURACION_METODOS.M.....	164
A.4 CALCULAR MÉTODOS.....	175
A.4.1 CALCULO_PARAMETROS.M	175
A.4.2 ESTADISTICOS_TIEMPO.M	179
A.4.3 HALLAR_PSD.M	180
A.4.4 CTM_TRAMAS.M	180
A.4.5 SAMPEN_TRAMAS.M.....	182
A.4.6 DIST_SAMPEN.M.....	183
A.4.7 LZCOMPLEXITY_TRAMAS.M	184
A.4.8 TRANSFORMA_BINARIA.M.....	187
A.5 CLASIFICACIÓN DIAGNÓSTICA.....	188
A.5.1 VALIDACIONCRUZADAROC.M.....	188
A.5.2 CURVAROC.M	195
A.5.3 LDA_CROSSVAL_LOO.M	198
A.5.4 LR_CROSSVAL_LOO.M.....	200
APÉNDICE B: PLIEGO DE CONDICIONES.....	203
APÉNDICE C: PRESUPUESTO	211

ÍNDICE DE FIGURAS

FIGURA 3.1. EJEMPLOS REPRESENTATIVOS DEL REGISTRO DE SPO ₂ EN (A) UN SUJETO SAHS NEGATIVO TÍPICO, (B) UN PACIENTE SAHS POSITIVO TÍPICO Y (C) UN SUJETO SAHS POSITIVO DUDOSO.	18
FIGURA 4.1. HISTOGRAMAS NORMALIZADOS EN EL DOMINIO DEL TIEMPO Y DE LA FRECUENCIA	21
FIGURA 4.2. EJEMPLOS DE DIAGRAMAS DE DIFERENCIAS DE SEGUNDO ORDEN OBTENIDOS DE REGISTROS DE SPO ₂ EN A) UN SUJETO SAHS NEGATIVO, B) UN SUJETO SAHS POSITIVO Y C) UN SUJETO SAHS POSITIVO DUDOSO	26
FIGURA 4.3. EJEMPLO DE CURVA ROC. EL PUNTO MARCADO EN VERDE REPRESENTA EL MÁS CERCANO AL CASO IDEAL (0,1). EL AROC ESTARÁ COMPRENDIDO ENTRE LA LÍNEA ROJA Y LA CURVA (EN AZUL).	39
FIGURA 5.1.. ASPECTO GENERAL DE LA APLICACIÓN	47
FIGURA 5.2. SECUENCIA DE FUNCIONAMIENTO DE LA APLICACIÓN	49
FIGURA 5.3. VENTANA DE INICIO DE LA APLICACIÓN.....	53
FIGURA 5.4. VENTANA DE SELECCIÓN DEL DIRECTORIO DE TRABAJO.....	54
FIGURA 5.5. MENÚ ARCHIVO	55
FIGURA 5.6. VENTANA DE SELECCIÓN DEL REGISTRO A CARGAR.	55
FIGURA 5.7. VENTANA CON EL REGISTRO CARGADO.....	56
FIGURA 5.8. VENTANA DE SELECCIÓN DEL DIRECTORIO DE CONTROLES	56
FIGURA 5.9. VENTANA DE SELECCIÓN DEL DIRECTORIO DE ENFERMOS.....	57
FIGURA 5.10. PROCESO DE LA CARGA DEL DIRECTORIO DE REGISTROS SAHS NEGATIVOS	57
FIGURA 5.11. REGISTROS CARGADOS	58
FIGURA 5.12. VENTANA ELIMINAR REGISTROS	58
FIGURA 5.13. EVOLUCIÓN TEMPORAL, HISTOGRAMA Y PSD	61
FIGURA 5.14. MENÚ MÉTODOS.....	61

FIGURA 5.15. CONFIGURACIÓN DE MÉTODOS	62
FIGURA 5.16. BARRA DE ESTADO.....	63
FIGURA 5.17. MENÚ SELECCIÓN DE CARACTERÍSTICAS.....	64
FIGURA 5.18. SELECCIÓN DE CARACTERÍSTICAS DEL MODELO LDA	64
FIGURA 5.20. MENÚ ROC CARACTERÍSTICAS INDIVIDUALES	65
FIGURA 5.21. REPRESENTACIÓN DE LOS RESULTADOS DEL PARÁMETRO SELECCIONADO.....	65
FIGURA 5.22. MENÚ ROC MODELOS LDA Y LR.....	66
FIGURA 5.23. REPRESENTACIÓN DE LOS RESULTADOS DEL CLASIFICADOR SELECCIONADO...66	
FIGURA 5.24. MENÚ ARCHIVO CON LA OPCIÓN GUARDAR RESULTADOS HABILITADA	68
FIGURA 5.25. VENTANA DE SELECCIÓN DEL NOMBRE DEL FICHERO EXCEL Y EL DIRECTORIO DONDE GUARDARLO	68
FIGURA 5.26. ARCHIVO MICROSOFT EXCEL ® DE ALMACENAMIENTO DE RESULTADOS (1)....	69
FIGURA 5.27. ARCHIVO MICROSOFT EXCEL ® DE ALMACENAMIENTO DE RESULTADOS (2)....	69
FIGURA 5.28. ARCHIVO MICROSOFT EXCEL ® DE ALMACENAMIENTO DE RESULTADOS (3)....	70
FIGURA 5.29. MENSAJE DE DATO INCORRECTO.....	70
FIGURA 6.1. (A) ENVOLVENTE DEL HISTOGRAMA NORMALIZADO EN EL DOMINIO DEL TIEMPO. (B) PSD NORMALIZADA PROMEDIO EN LA BANDA DE INTERÉS EN EL DOMINIO DE LA FRECUENCIA.	75
FIGURA 6.2. CURVA ROC PARA EL PARÁMETRO M2T	77
FIGURA 6.3. DIAGRAMA DE DISTRIBUCIÓN DE LOS VALORES PARA EL PARÁMETRO M2T POR GRUPOS DE POBLACIÓN.	77
FIGURA 6.4. CURVA ROC PARA EL PARÁMETRO M1F	77
FIGURA 6.5. DIAGRAMA DE DISTRIBUCIÓN DE LOS VALORES PARA EL PARÁMETRO M1F POR GRUPOS DE POBLACIÓN.	77
FIGURA 6.6. CURVA ROC PARA EL PARÁMETRO M2F	78

FIGURA 6.7. DIAGRAMA DE DISTRIBUCIÓN DE LOS VALORES PARA EL PARÁMETRO M2F POR GRUPOS DE POBLACIÓN.	78
FIGURA 6.8. (A) REPRESENTACIÓN CONJUNTA DE LAS PSD PROMEDIO PARA AMBOS GRUPOS DIAGNÓSTICOS EN EL INTERVALO 0-2 HZ Y (B) EN EL INTERVALO 0.03-0.18 HZ.	79
FIGURA 6.9. (A) REPRESENTACIÓN DEL <i>P-VALOR</i> FRENTE A LA FRECUENCIA EN EL INTERVALO 0-2 HZ Y (B) EN EL INTERVALO 0.02-0.2 HZ.	79
FIGURA 6.10. CURVA ROC PARA EL PARÁMETRO P_T	80
FIGURA 6.11. DIAGRAMA DE DISTRIBUCIÓN DE LOS VALORES PARA EL PARÁMETRO P_T POR GRUPOS DE POBLACIÓN.	80
FIGURA 6.12. CURVA ROC PARA EL PARÁMETRO P_A	81
FIGURA 6.13. DIAGRAMA DE DISTRIBUCIÓN DE LOS VALORES PARA EL PARÁMETRO P_A POR GRUPOS DE POBLACIÓN.	81
FIGURA 6.14. REPRESENTACIÓN DEL <i>P-VALOR</i> FRENTE AL RADIO PARA EL CTM.....	82
FIGURA 6.15. CURVA ROC PARA EL PARÁMETRO CTM.	83
FIGURA 6.16. DIAGRAMA DE DISTRIBUCIÓN DE LOS VALORES PARA EL PARÁMETRO CTM POR GRUPOS DE POBLACIÓN.	83
FIGURA 6.17. CURVA ROC PARA EL PARÁMETRO SAMPEN.	83
FIGURA 6.18. DIAGRAMA DE DISTRIBUCIÓN DE LOS VALORES PARA EL PARÁMETRO SAMPEN POR GRUPOS DE POBLACIÓN.	83
FIGURA 6.19. REPRESENTACIÓN DE LAS CURVAS ROC PARA LA CARACTERÍSTICA <i>M2F</i> , Y LOS CLASIFICADORES LDA Y LR.	85

ÍNDICE DE TABLAS

TABLA-3.1 DATOS DEMOGRÁFICOS Y CLÍNICOS DE LA POBLACIÓN BAJO ESTUDIO.....	17
TABLA-6.1 VALORES PROMEDIO PARA LAS CARACTERÍSTICAS BAJO ESTUDIO PARA LOS GRUPOS SAHS POSITIVO Y SAHS POSITIVO.....	75
TABLA-6.2 EVALUACIÓN DIAGNÓSTICA DE LAS CARACTERÍSTICAS INDIVIDUALES.....	76
TABLA-6.3 EVALUACIÓN DIAGNÓSTICA DEL MODELO LDA CONSTRUIDO EN CADA PASO DEL PROCESO DE SELECCIÓN DE CARACTERÍSTICAS.....	84
TABLA-6.4 EVALUACIÓN DIAGNÓSTICA DEL MODELO LR CONSTRUIDO EN CADA PASO DEL PROCESO DE SELECCIÓN DE CARACTERÍSTICAS.....	85
TABLA-7.1 COMPARACIÓN CON OTROS ESTUDIOS.....	91

Capítulo I: INTRODUCCIÓN

1.1 INTRODUCCIÓN

Con la elaboración de este trabajo fin de grado (TFG) se pretende evaluar la eficacia diagnóstica de la señal de saturación de oxígeno en sangre (SpO_2), así como de diversos métodos de procesado de señal a la hora de diferenciar entre enfermos del Síndrome de la Apnea Hipopnea del Sueño (SAHS) y sujetos sin SAHS en niños. Como norma general a todos los proyectos de investigación, el correcto desarrollo del mismo debe realizarse a través de una serie de etapas, desde la documentación inicial hasta la extracción de conclusiones finales, que se han tratado de recoger en esta memoria.

El SAHS en la infancia es un trastorno respiratorio del sueño, caracterizado por una obstrucción parcial prolongada de la vía aérea superior y/u obstrucción intermitente completa que interrumpe la ventilación normal durante el sueño y los patrones normales del mismo [1]. El SAHS infantil tiene una entidad clara con perfiles muy diferenciados con respecto al del adulto en lo referente a la etiología, presentación clínica y tratamiento. Es por este motivo que la Academia Americana de Medicina del Sueño separa de forma clara ambas entidades y las incluye en apartados diferentes en su clasificación [1].

Las repercusiones médicas del SAHS incluyen alteraciones cardiovasculares, como alteraciones en la función ventricular y elevaciones discretas de la presión arterial, además del retraso pondoestatural. Desde el punto de vista neuroconductual está plenamente demostrado que pueden presentar problemas de aprendizaje, con disminución del rendimiento escolar, habilidad emocional, fenotipos conductuales que se han venido en denominar trastorno de déficit de atención con hiperactividad y, en definitiva, situaciones que afectan a la calidad de vida del niño y de su familia [1].

La técnica de referencia usada para el diagnóstico de SAHS en niños es la polisomnografía (*Polysomnography*, PSG) [1]. La PSG es una prueba nocturna, que implica la estancia en una unidad especializada del sueño [2] y en la que se registran múltiples señales biomédicas de los pacientes durante el sueño. Algunas de las señales más características que se extraen de la PSG son el electrocardiograma (ECG), el electroencefalograma (EEG), el electrooculograma (EOG), el electromiograma (EMG), el flujo aéreo (FA), la SpO_2 y la frecuencia cardiaca [1, 3]. Estos registros en condiciones normales superan las seis horas de duración [1]. Sin embargo, la PSG es una prueba de elevado coste y que requiere la presencia del paciente y de personal especializado durante toda la noche en la unidad del sueño [1]. Además, la PSG no está disponible en todos los hospitales y el tratamiento

quirúrgico mediante adenoamigdalectomía, que es el tratamiento más efectivo, presenta largas listas de espera [2]. Además, aunque la PSG sea el método más fiable para el diagnóstico del SAHS en niños, los criterios no están validados [1].

Estas limitaciones presentes en la PSG, y la prevalencia de la enfermedad, han llevado a la búsqueda de alternativas para la evaluación de pacientes sospechosos de SAHS [3]. En las directrices de la Academia Estadounidense de Pediatría, se recomienda realizar test alternativos si la PSG no está disponible [4].

Uno de estos métodos es la oximetría nocturna [4]. Los equipos de oximetría registran un menor número de señales para reducir la complejidad de la prueba. Estas señales son la SpO_2 y la frecuencia cardíaca [5]. Con los registros de SpO_2 que presentan tres o más desaturaciones por debajo del 90% se ha obtenido un valor predictivo positivo del 97% para la detección del SAHS en niños [2]. Por lo tanto, el desarrollo de un método de detección del SAHS mediante oximetría refleja la severidad de la enfermedad y puede ser usado por personal médico especializado para priorizar los pacientes que requieren tratamiento quirúrgico mediante adenoamigdalectomía [2].

Los distintos estudios que tratan sobre el procesado de señal para la ayuda al diagnóstico del SAHS en niños han analizado registros de ECG, variabilidad del ritmo cardíaco (*Heart Rate Variability*, HRV), fotopletimografía (*Pulse Photoplethysmography*, PPG) y SpO_2 [6-22]. Las técnicas de análisis utilizadas en este tipo de estudios se centran en el empleo de características en el dominio del tiempo y momentos espectrales. Sin embargo, dado que las señales de origen biológico suelen ser no estacionarias y no gaussianas, en muchas ocasiones parece necesario emplear también técnicas de procesado no lineales [23].

En el presente TFG se realiza un estudio sobre la señal de SpO_2 . Para ello se cuentan con 50 registros (24 SAHS negativos y 26 SAHS positivos) procedentes de la poligrafía respiratoria (PR) realizada en el domicilio del paciente a través de un sensor de oximetría. La metodología empleada se compone de tres fases: extracción, selección y clasificación de características. En la fase de extracción se aplican momentos estadísticos en el dominio del tiempo y en el de la frecuencia, análisis espectral convencional y métodos no lineales para obtener características de la señal de SpO_2 que permitan diferenciar entre sujetos SAHS positivos y SAHS negativos. En la fase de selección, se realiza una selección automática de los parámetros extraídos que, aplicados conjuntamente, presentan un mejor modelo de predicción diagnóstica. En la tercera fase, se realiza clasificación mediante Análisis Discriminante Lineal (*Linear Discriminant Analysis*, LDA) y Regresión Logística (*Logistic Regression*, LR) a partir de las variables seleccionadas en la etapa anterior.

1.2 SÍNDROME DE LA APNEA HIPOPNEA DEL SUEÑO EN NIÑOS

La Academia Americana de Pediatría (American Academy of Pediatrics, AAM) define el SAHS como un trastorno de la respiración durante el sueño que se caracteriza por obstrucción parcial de la vía aérea superior y/o obstrucción completa intermitente (apneas obstructivas), que interrumpe la ventilación y la arquitectura de sueño normal. Se asocia con síntomas que incluyen ronquidos nocturnos habituales, dificultad de sueño y/o problemas de comportamiento [24].

El SAHS infantil se asocia con importante morbilidad, ya que puede originar retraso del crecimiento y desarrollo, hipertensión pulmonar, alteraciones de la conducta y bajo rendimiento escolar [24].

Se estima que la prevalencia del SAHS infantil se encuentra entre el 1 y el 5% [4]. A pesar de esta alta incidencia, el SAHS es una enfermedad infradiagnosticada [25]. Un diagnóstico y tratamiento temprano pueden mejorar aspectos importantes en el desarrollo de un niño, como el potencial cognitivo y social de los niños y el rendimiento escolar [4].

En cuanto al diagnóstico del SAHS, la técnica diagnóstica considerada de referencia hasta el momento es la PSG nocturna, cuya realización e interpretación sin embargo no están adecuadamente estandarizadas [24]. En ella se registran variables neurofisiológicas y cardiorrespiratorias para la detección de los episodios de apnea e hipopnea y calcular el Índice de Apnea-Hipopnea (*Apnea-Hypopnea Index*, AHI) por hora de sueño, que es el parámetro en el que, de forma general, se basa el diagnóstico final [1].

Se considera apnea obstructiva cuando hay ausencia de flujo aéreo durante al menos dos ciclos respiratorios asociada con un movimiento paradójico del pecho y el abdomen [26]. La International Classification of Sleep Disorders considera por consenso el diagnóstico del SAHS en niños cuando hay uno o más eventos respiratorios por hora de sueño. Siguiendo estas pautas, algunos estudios realizan una clasificación del grado de padecimiento de la enfermedad en función del valor del AHI, asociando un AHI menor que 1 al no padecimiento de SAHS, un AHI entre 1 y 5 con un SAHS leve, un AHI entre 5 y 10 con un SAHS moderado y un SAHS mayor que 10 con un SAHS grave [1,28].

Sin embargo, el Grupo de Consenso Español de Síndrome de Apneas/Hipopneas durante el sueño acepta un índice de apneas obstructivas entre 1 y 3 como línea de corte normalidad. Siguiendo estas recomendaciones, en algunos estudios se ha considerado a un niño como SAHS positivo cuando el AHI es igual o superior a 3 [1,24], a diferencia de en adultos, donde se considera como SAHS un AHI igual o superior a 10 [27]. En el presente estudio, se ha considerado como SAHS positivos a aquellos con un AHI igual o superior que 3, y el grupo de SAHS negativos ha sido conformado por aquellos sujetos con un AHI inferior a 3.

A la hora de realizar un tratamiento del SAHS, este dependerá de la alteración predominante y de las variables que cuantifican el grado de severidad de la enfermedad. El tratamiento incluye desde medidas no invasivas como la pérdida de peso hasta tratamientos quirúrgicos como la adenoamigdalectomía [1].

1.3 OBJETIVOS

El objetivo general de este TFG es evaluar la capacidad diagnóstica de la señal de SpO₂ a la hora de diferenciar entre sujetos SAHS positivos y sujetos SAHS negativos, mediante la aplicación de técnicas de procesado de señal. Los objetivos específicos para alcanzar el objetivo general se han desarrollado en las siguientes etapas:

1. Estudiar la enfermedad del SAHS en niños: causas, manifestaciones, diagnóstico y tratamiento.
2. Realizar una revisión del estado del arte del análisis mediante métodos de procesado de señal como ayuda al diagnóstico del SAHS en niños.
3. Estudiar la señal SpO₂ y describir sus características más relevantes en el dominio del tiempo y en el de la frecuencia.
4. Extraer características individuales de los registros de SpO₂. Programación mediante la herramienta de desarrollo Matlab® de momentos estadísticos, técnicas de análisis espectral convencional y técnicas de análisis no lineal.
5. Seleccionar aquellas características con información complementaria que permitan la formación de un modelo de clasificación con alta capacidad diagnóstica a través de las técnicas LDA y LR. Este procedimiento ha sido realizado mediante el software de estadística SPSS® y la herramienta de análisis matemático Matlab®.
6. Desarrollo de un software que integre en una interfaz gráfica la carga de los registros biomédicos, la configuración y cálculo de los métodos de procesado de señal, la selección de características para construir los modelos LDA y SLR, y el cálculo de las métricas de rendimiento y la visualización y almacenamiento de los resultados para su análisis.
7. Evaluar la capacidad diagnóstica de las características por separado y de los modelos LR y LDA. Programación mediante Matlab® de las siguientes métricas de evaluación del rendimiento diagnóstico: Sensibilidad, Especificidad y Precisión, creación a partir de ellos de las curvas Receiver Operating Characteristics (ROC) y determinación del umbral óptimo en base a estas curvas.

8. Discutir los resultados obtenidos y compararlos con los de otros estudios.
9. Extraer conclusiones del trabajo desarrollado.

1.4 ESTRUCTURA

La memoria de este TFG ha sido estructurada de acuerdo a la práctica habitual en investigaciones relacionadas con análisis de registros biomédicos. Este tipo de estructura es similar a la presente en muchos artículos publicados en revistas indexadas y en congresos científicos.

En este primer capítulo del TFG se ha presentado cuál es el problema a abordar, detallando las motivaciones que han dado lugar a su propuesta y los objetivos que se persiguen. Se ha mostrado el escenario en el que se desarrolla la enfermedad del SAHS en niños, introduciendo los aspectos más relevantes de la enfermedad, indicando su prevalencia, lo costoso que es su diagnóstico y la necesidad de métodos alternativos de detección. En último lugar, se ha justificado el uso de técnicas de análisis espectral, no lineal y estadístico para extraer información complementaria de la señal de SpO₂ para obtener un mejor rendimiento.

En el segundo capítulo se describen los aspectos médicos del SAHS. En primer lugar se explican los conceptos clave para entender la enfermedad. A continuación se describen las afecciones relacionadas con el padecimiento de SAHS. Posteriormente se trata su diagnóstico, comenzando por el método estándar y terminando por la oximetría nocturna, que supone una de las alternativas más sólidas a la realización de la PSG. Finalmente, se explican brevemente las técnicas de tratamiento.

En el *Capítulo III* se detallan las características del grupo de población bajo estudio, del equipo empleado para la adquisición de registros y de la señal de SpO₂.

Los métodos aplicados en el estudio se presentan en el *Capítulo IV*. Se profundiza en las técnicas espectrales, basadas en la transformada de Fourier, en las técnicas no lineales, derivadas de la Teoría del Caos, y en el análisis con momentos estadísticos. También se explican los principios fundamentales de la selección de características bidireccional por pasos y la clasificación mediante LDA y LR, así como del análisis estadístico realizado para comprobar si hay diferencias significativas entre poblaciones y validar los resultados obtenidos.

En el *Capítulo V* se recogen los pasos seguidos en el desarrollo de la herramienta software y el manual de usuario de la aplicación, que muestra a través de capturas de pantalla la configuración del funcionamiento de la herramienta.

Los resultados alcanzados al aplicar los métodos presentados en el *Capítulo IV* sobre la señal de SpO₂ son mostrados en el *Capítulo VI*. Primero se explica cómo se configuran dichos métodos y, a continuación, se presentan los resultados correspondientes a las características individuales, a LDA y a LR.

En el *Capítulo VII* se realiza la discusión de los resultados obtenidos en el *Capítulo VI*. Se reflexiona sobre los resultados obtenidos, se realiza una comparación de dichos resultados con los encontrados en estudios de otros autores similares al realizado en este TFG, y se exponen las limitaciones presentes en el estudio desarrollado.

Las principales conclusiones extraídas durante la realización de este TFG, las contribuciones realizadas a la ayuda al diagnóstico del SAHS y las líneas de investigación futuras son recogidas en el *Capítulo VIII*.

En el *Capítulo IX* se recoge toda la bibliografía empleada en el desarrollo de este TFG.

Finalmente, se presentan tres apéndices. El *Apéndice A* muestra las funciones más importantes generadas durante la programación de la herramienta software. En el *Apéndice B* se describen las condiciones legales y los medios bibliográficos, software y hardware empleados en la realización del TFG. Por último, en el *Apéndice C* se realiza un presupuesto económico asociado a la realización de este TFG.

Capítulo II: SÍNDROME DE LA APNEA HIPOPNEA DEL SUEÑO EN NIÑOS

2.1 INTRODUCCIÓN

El SAHS en la infancia es un trastorno respiratorio del sueño, caracterizado por una obstrucción parcial prolongada de la vía aérea superior y/u obstrucción intermitente completa que interrumpe la ventilación normal durante el sueño y los patrones del mismo [1].

Para empezar a comprender la enfermedad, en el apartado 2.2 se describirán en primer lugar algunos conceptos claves del SAHS. En este apartado se introducen varias definiciones importantes como las de los eventos de apnea obstructiva, apnea central, apnea mixta, así como el índice de apnea hipopnea (*Apnea-Hypopnea Index*, AHI). El consenso sobre estas definiciones se ha alcanzado con la publicación del manual de referencia de la academia americana de medicina del sueño (*American Academy of Sleep Medicine*, AASM), con especificaciones reglas y terminología, tanto para adultos como para niños, diferenciando así el estudio de la enfermedad entre ambos grupos de población. La última versión publicada de este manual corresponde al año 2012 [29]. Las definiciones y términos incluidos en dicho manual han sido utilizados mayoritariamente por la comunidad científica especializada durante los últimos años y, por tanto, son los que se han seguido en el presente estudio.

Una vez expuestos los términos más relevantes del SAHS, en el apartado 2.3 se explican algunas afecciones relacionadas. También se realza la importancia de que los enfermos reciban el tratamiento apropiado, así como los beneficios en su salud al aplicarlo.

A continuación, en el apartado 2.4 se expone el problema del diagnóstico del SAHS. Se describe la PSG el método estándar de diagnóstico de la enfermedad, así como la oximetría nocturna, una alternativa fiable a la PSG en los últimos tiempos.

Finalmente, en el apartado 2.5 se aborda el tratamiento de la enfermedad. Se describen los distintos tipos de tratamientos aplicados, que variarán según las causas y el grado de severidad de la enfermedad, como el tratamiento quirúrgico mediante adenoamigdalectomía, que es el más habitual en niños.

2.2 CONCEPTOS CLAVE DEL SAHS

El signo más característico del SAHS es la aparición de eventos de apnea y de eventos de hipopnea durante el sueño en los pacientes. No ha habido consenso en la definición exacta de dichos eventos hasta el año 2007 [1], cuando se publicó la primera versión del manual de referencia por parte de la AASM con la metodología adecuada para la recogida de los parámetros fisiológicos asociados el sueño en niños [29]. La última versión de este manual, fechada en el año 2012, recoge las definiciones de los conceptos más importantes relacionados con la enfermedad.

Tanto en las prácticas clínicas desarrolladas de manera previa al procesado de los registros, como en el resto de la metodología empleada en el presente estudio, se han tenido en cuenta los criterios para la identificación de los siguientes términos [29]:

- **Evento de Apnea Obstructiva**
 - I. Duración del evento equivalente a dos ciclos respiratorios.
 - II. El evento se asocia a la caída de la amplitud de la señal del termopar o termistor igual o superior al 90 % durante más del 90 % total del evento, comparada con el nivel basal.
 - III. Persistencia o aumento del esfuerzo respiratorio durante el periodo de descenso del flujo oronasal.
 - IV. Duración: desde el final de la última respiración normal hasta el inicio de la primera respiración que recupera el nivel basal.
- **Evento de Apnea Central.**
 - I. Ausencia de esfuerzo inspiratorio durante todo el evento.
 - II. Uno de los siguientes criterios:
 1. Duración del evento durante al menos 20 segundos.
 2. Duración del evento al menos el tiempo equivalente a 2 ciclos respiratorios y asociado con arousal, despertar o desaturación igual o superior al 3%.
 3. Apnea central equivalente a dos ciclos respiratorios pero menor de 20 segundos que sigue a ronquido, suspiro, evento respiratorio o arousal no debe ser codificada, salvo que cause arousal, despertar o desaturación igual o superior al 3%
- **Evento de Apnea Mixta.**
 - I. Duración del evento equivalente a dos ciclos respiratorios.
 - II. El evento se asocia a caída de la amplitud de la señal del termopar o termistor igual o superior al 90% comparada con el nivel basal.
 - III. Ausencia de esfuerzo inspiratorio en la primera parte del evento seguido de resolución del esfuerzo inspiratorio antes del final del evento.

- **Evento de Hipopnea.**
 - I. Descenso en la amplitud de la señal de cánula nasal o de señal alternativa igual o superior al 50% comparada con la amplitud basal.
 - II. Duración: al menos el tiempo equivalente a dos ciclos respiratorios.
 - III. La caída en la amplitud de la cánula nasal debe durar al menos el 90% de todo el evento respiratorio comparado con la amplitud procedente del evento.
 - IV. El evento está asociado con un arousal, despertar o desaturación igual o superior al 3%.
- **Índice de Apnea-Hipopnea (Apnea Hypopnea Index, AHI).** El AHI es el parámetro usado en la práctica clínica para determinar si un paciente padece o no SAHS. Se calcula como el número total de eventos de apnea e hipopnea por hora de sueño. La International Classification of Sleep Disorders considera por consenso el diagnóstico del SAHS en niños cuando hay uno o más eventos respiratorios por hora de sueño [4]. Siguiendo estas pautas, algunos estudios realizan una clasificación del grado de padecimiento de la enfermedad en función del valor del AHI, asociando un AHI menor que 1 al no padecimiento de SAHS, un AHI entre 1 y 5 con un SAHS leve, un AHI entre 5 y 10 con un SAHS moderado y un SAHS mayor que 10 con un SAHS grave [1,28].

Sin embargo, el Grupo de Consenso Español de Síndrome de Apneas/Hipopneas durante el sueño acepta un índice de apneas obstructivas entre 1 y 3 como línea de corte normalidad. Siguiendo estas recomendaciones, en algunos estudios se ha considerado a un niño como SAHS positivo cuando el AHI es igual o superior a 3 [1,24], a diferencia de en adultos, donde se considera como SAHS un AHI igual o superior a 10 [27]. En el presente estudio, se ha considerado como SAHS positivos a aquellos con un AHI igual o superior a 3, y el grupo de SAHS negativos ha sido conformado por aquellos sujetos con un AHI inferior a 3.

2.3 AFECCIONES RELACIONADAS

El SAHS es un cuadro comórbido de diferentes trastornos crónicos en la infancia, algunos de ellos muy prevalentes [1]. Los trastornos comórbidos del SAHS se pueden dividir en tres categorías principales: morbilidad cardiovascular, morbilidad neuroconductual y retraso del crecimiento [25].

Morbilidad cardiovascular

El aumento de la prevalencia de la obesidad y el sobrepeso en la población infantil contribuye a un incremento de la incidencia del SAHS en los niños, y también, de forma directa e indirecta, del riesgo vascular. Algunos estudios señalan que hasta un 50 % de los niños remitidos para valoración por sospecha de SAHS presenta obesidad [1].

La hipoxia intermitente secundaria a cada evento respiratorio y la obstrucción de las vías aéreas superiores provocan una serie de fenómenos que son causantes de las complicaciones cardiovasculares: incremento de la actividad simpática, disfunción endotelial, generación de radicales libres e incremento de la presión de la arteria pulmonar con disfunción cardíaca derecha [1].

El daño que puedan provocar estos accidentes cardiovasculares a los órganos está determinado, fundamentalmente, por la gravedad del SAHS y es posible que este trastorno, iniciado en la etapa infantil, sea el detonante de una cascada de eventos que determinen un inicio más precoz de algunos fenómenos que normalmente aparecerían en la edad adulta. El reconocimiento temprano de la existencia de un SAHS evitaría estas consecuencias y la eventual mortalidad en algunos casos.

Morbilidad neuroconductual

Se han encontrado relaciones significativas entre el grado de alteración durante el sueño y la magnitud de los cambios conductuales. La hiperactividad e inatención durante el día se asocian con un sueño no reparador y, de manera inversa, una mejoría en los patrones de sueño conlleva una mejoría de la conducta [30].

Las principales consecuencias cognitivoconductuales asociadas al SAHS son la inatención, la hiperactividad, un incremento en la agresividad, la irritabilidad, problemas emocionales y con los compañeros, quejas de carácter somático y la excesiva somnolencia diurna [31].

En cuanto a la excesiva somnolencia diurna (ESD), en algunos estudios se observa un acortamiento de la latencia de sueño en los niños, pero es infrecuente la ESD, que tiende a desarrollarse en los casos más intensos o en los pacientes obesos. La probabilidad de ESD en los niños obesos es mayor que para los no obesos, sea cual sea el nivel de severidad del SAHS [1].

Retraso del crecimiento

Una de las consecuencias más conocidas del SAHS infantil es el alto riesgo de retraso en el crecimiento de los niños que lo padecen [25]. No obstante, la incidencia de este problema no ha sido evaluada de manera sistemática, y ha cambiado claramente en los últimos años. Hoy en día se considera que menos del 5% de los pacientes con SAHS presenta retraso pondoestatural [1]. Además, los mecanismos subyacentes en el retraso en el crecimiento no están plenamente

definidos. Es posible que la disfagia debida al alargamiento de las amígdalas y adenoides tenga relación en un número reducido de casos, y que la reducción del apetito debida a cambios en la agudeza olfativa pueda contribuir también en algunos casos [25].

De todos modos, ha sido estipulado que el incremento en el esfuerzo respiratorio durante el sueño conduce a un incremento en el gasto metabólico y la contribución al aumento de peso en estos niños, ya que el tratamiento de SAHS está asociado con reducciones en el gasto inherente de energía, con aumento de peso [25]. Se han propuesto diversos mecanismos para explicar las alteraciones del crecimiento en el SAHS, entre los que se encuentran la disminución de niveles de factor de crecimiento insulínico tipo 1, sus proteínas de unión e incluso la liberación de la hormona del crecimiento [31].

2.4 DIAGNÓSTICO DEL SAHS

La prueba estándar para el diagnóstico del SAHS infantil es la PSG nocturna. La PSG nocturna consiste en el registro continuo y supervisado del estado de vigilia y de sueño espontáneo, no inducido farmacológicamente, mediante el registro de:

- Variables neurofisiológicas: electroencefalograma (EEG), electrooculograma (EOG), electromiograma (EMG) tibial y submentoniano. Permite la valoración de los estados del sueño y la arquitectura del sueño.
- Variables cardiorrespiratorias con registro de:
 - I. Flujo aéreo (FA) oro-nasal: para la valoración de eventos respiratorios: apneas, hipopneas y limitaciones al flujo, mediante termosensores (termopar/termistor) o cánulas nasales.
 - II. Esfuerzo respiratorio: para la clasificación de los eventos respiratorios en centrales, obstructivos o mixtos mediante bandas piezoeléctricas torácicas y abdominales o pletismografía de impedancia.
 - III. Valoración del intercambio gaseoso: saturación de oxígeno por pulsioximetría (SpO₂) y medida del CO₂ espirado o transcutáneo.
 - IV. Frecuencia cardíaca
 - V. Ronquido
 - VI. Posición corporal: permite el análisis de la ocurrencia de eventos respiratorios en relación con la posición corporal.
 - VII. Electrocardiograma (ECG)

Del estudio de estos registros polisomnográficos se extrae el AHI, en base al cual se determinará si el paciente padece o no SAHS, y si lo padece, en qué grado.

Dada la edad de los pacientes, requiere un entorno específico adecuado y adaptarse al horario de los niños, requiriendo además personal entrenado tanto en la realización de la técnica como en su interpretación [1].

Además, la PSG no está disponible en todos los hospitales, requiere largos tiempos de espera y el tratamiento quirúrgico mediante adenoamigdalectomía, que es el más efectivo, presenta largas listas de espera [2]. Aunque la PSG sea el método más fiable para el diagnóstico del SAHS en niños, los criterios no están validados [1]. Asimismo, los padres y sus hijos pequeños sin conocimientos sobre los trastornos del sueño a menudo dudan de si pasar una noche en un laboratorio del sueño, que no es un entorno familiar para el niño.

Estas limitaciones presentes en la PSG y la prevalencia de la enfermedad, han llevado a la búsqueda de herramientas diagnósticas alternativas para la evaluación de pacientes sospechosos de SAHS [3]. En las directrices de la Academia Estadounidense de Pediatría, se recomienda realizar test alternativos diagnósticos si la PSG no está disponible.

Una alternativa es realizar la PSG en el domicilio sin supervisión, con la que se han obtenido resultados que no presentan diferencias estadísticas significativas con respecto a los resultados alcanzados con la PSG en la unidad del sueño del hospital [33].

Otra herramienta diagnóstica alternativa es la PR, que en adultos está aceptada como método de diagnóstico del SAHS, pero en niños no está adecuadamente validada. La PR está diseñada para su realización en el domicilio durante la noche, y típicamente incluye la medida de variables cardiorrespiratorias pero no de variables neurofisiológicas. Los polígrafos deben registrar: flujo oronasal, esfuerzo respiratorio, saturación de oxígeno por pulsioximetría, posición corporal, ronquido y frecuencia cardíaca; también suelen incorporar el electromiograma tibial [1].

La oximetría es otra de los métodos alternativos de diagnóstico del SAHS [4]. Los equipos de oximetría registran un menor número de señales para reducir la complejidad de la prueba. Estas señales son la SpO₂ y la frecuencia cardíaca [5]. Con los registros de SpO₂ con tres o más desaturaciones por debajo del 90% se ha obtenido un valor predictivo positivo del 97% para la detección del SAHS en niños [4]. Por lo tanto, el desarrollo de un método de detección del SAHS mediante oximetría refleja la severidad de la enfermedad y puede ser usado por personal médico especializado para priorizar los pacientes que requieren tratamiento quirúrgico mediante adenoamigdalectomía [2].

2.5 TRATAMIENTO

El tratamiento del SAHS no tiene porqué ser único para todos los pacientes. Se trata de una serie de actuaciones que pueden complementarse en función de cada caso concreto.

Tratamiento quirúrgico

Tradicionalmente el tratamiento de elección para los trastornos respiratorios del sueño (TRS) en el niño es la adenoamigdalectomía, un tratamiento de tipo quirúrgico. La adenoamigdalectomía consigue la normalización del cuadro respiratorio nocturno, de la sintomatología diurna y la reversión en muchos casos de las complicaciones cardiovasculares, alteraciones neurocognitivas, retraso en el crecimiento y enuresis [1].

La eficacia de la adenoamigdalectomía es de aproximadamente el 78% de los casos de SAHS infantil [34,35]; sin embargo esta eficacia es variable en los estudios publicados y así recientemente se publica un estudio multicéntrico en el que la tasa de curación es de solo un 27.2% [36].

En cuanto al seguimiento del tratamiento, todos los niños deben reevaluarse clínicamente después de la cirugía, debiéndose realizar un estudio de sueño (PSG o PR) posquirúrgico en los niños que fueran SAHS graves en el preoperatorio, o cuando persistan factores de riesgo o síntomas de SAHS [1].

También hay otros procedimientos quirúrgicos, como la septoplastia, la uvulofaringopalatoplastia, glosopexia y cirugía maxilomandibular, que se realizan con poca frecuencia pero pueden estar indicados en casos seleccionados.

Presión positiva en la vía aérea superior

La presión positiva continua en la vía aérea superior (*Continuous Positive Airway Pressure*, CPAP) constituye la segunda línea de tratamiento del SAHS en la infancia [37], ya que la mayoría de los niños con SAHS mejora con la adenoamigdalectomía, quedando un pequeño grupo de pacientes que requerirán tratamientos adicionales o en los que el CPAP será la primera opción. Generalmente, suelen ser niños con obesidad, alteraciones craneofaciales o enfermedades neuromusculares añadidas a la hipertrofia adenoamigdalar o sin hipertrofia adenoamigdalar [1].

El sistema genera constantemente un flujo y transmite una presión a la vía aérea superior, evitando su colapso tanto estático (apneas) como dinámico (hipopneas) durante el sueño. La CPAP corrige las apneas obstructivas, mixtas y en ocasiones las centrales, elimina las hipopneas y suprime el ronquido. Evita la desaturación de oxígeno, los despertares electroencefalográficos (arousal) secundarios a los eventos respiratorios y normaliza la arquitectura del sueño. La CPAP no es un tratamiento curativo, lo cual implica que su aplicación debe ser continuada [1].

La presión óptima en los pacientes con SAHS es la mínima presión que más efectivamente previene las consecuencias adversas del SAHS; al mismo tiempo que cause menor disconfort y menor riesgo de complicaciones, requiriéndose para ello estudios de titulación de presión de CPAP con el objetivo de encontrar la presión adecuada que normalice la respiración y el sueño fisiológico [38]. Es necesaria la

realización de controles periódicos puesto que son niños en crecimiento y los requerimientos en presión y el ajuste de la mascarilla cambian con el crecimiento y el desarrollo del niño [1].

Oxigenoterapia

Los estudios que han evaluado el efecto del tratamiento con oxígeno en niños con SAHS demuestran mejoría de la saturación de oxígeno pero no se observa modificación ni en el número ni en la duración de las apneas obstructivas. En cambio, en algunos individuos se observaba aumento de los niveles de CO₂ con el suplemento de oxígeno; por ello no se debe administrar oxígeno a los niños con SAHS si no es asociado a monitorización cardiorrespiratoria o en presencia de soporte ventilatorio [1].

Tratamiento conservador

En todo niño obeso, la dieta es una de las primeras medidas terapéuticas, aunque, al igual que en el adulto, la pérdida de peso y la terapia posicional, es poco efectiva. Aunque la mayoría de los adultos con SAHS son obesos, los niños con SAHS frecuentemente presentan peso normal o incluso fracaso de crecimiento; sin embargo, la obesidad puede aumentar el riesgo de SAHS en los niños [1]. Por lo tanto, en niños obesos con SAHS siempre es necesario indicar tratamiento dietético y pérdida ponderal, aunque incluso en niños obesos con hipertrofia adenoamigdalar la primera opción de tratamiento es la adenoamigdalectomía [39].

Tratamiento farmacológico

La inflamación de la mucosa nasal está presente en los niños con SAHS, en los cuales la causa más frecuente del SAHS es la hipertrofia adenoamigdalar. El tratamiento de las rinitis alérgicas se realiza con corticoides tópicos nasales, objetivándose una disminución de la inflamación de la mucosa [1]. El tratamiento con corticoides tópicos sobre la hipertrofia adenoidea produce mejoría de los síntomas de obstrucción nasal en niños con hipertrofia adenoidea moderada-grave y disminución del tamaño adenoideo [40]. Por tanto, los corticoides tópicos nasales pueden ser un tratamiento en niños con SAHS leve, con hipertrofia adenoidea moderada-grave y predominancia de síntomas nasales. Sin embargo, los efectos a largo plazo aún no son conocidos, requiriéndose estudios a largo plazo [1].

Tratamiento ortodóntico

El tratamiento ortodóntico puede ser útil en el tratamiento de los niños con anomalías craneofaciales que constituyan factores de riesgo del SAHS [41]. Aunque los tratamientos ortopédicos no obtienen resultados inmediatos, su utilización en edades tempranas puede mejorar el desarrollo de las características craneofaciales y, por tanto, disminuir el riesgo de desarrollar SAHS en edad adulta [42]. Ante un niño con SAHS es necesaria una adecuada exploración esquelética, y en caso de presencia de anomalías esqueléticas craneofaciales, considerar la opción de tratamiento ortodóntico-ortopédico [1].

Capítulo III: SUJETOS Y SEÑALES

3.1 INTRODUCCIÓN

En este capítulo se presentan y describen tanto las características más relevantes de la población bajo estudio como el tipo de señales que se han analizado.

Generalmente, los pacientes que acuden a una unidad especializada presentan síntomas asociados al SAHS o a alguna otra enfermedad relacionada con el sueño. Es decir, son sospechosos de padecer la enfermedad por la que se les está examinando, por lo que la probabilidad de que un sujeto sea diagnosticado como SAHS positivo (sujetos afectados por la enfermedad) será mayor que la de ser diagnosticado como SAHS negativo (sujetos no afectados por la enfermedad). En concreto, en este estudio, se ha utilizado una base de datos de registros de SpO₂ procedentes de 50 sujetos, de los cuales 26 han sido diagnosticados como SAHS positivo (AHI \geq 3) y 24 como SAHS negativo (AHI $<$ 3).

La señal que se analiza en este trabajo es la de SpO₂, que es registrada mediante con un oxímetro. El oxímetro determina la SpO₂ midiendo espectro-fotométricamente el tono azulado de la sangre arterial, expresándolo en términos de saturación [43]. Un sujeto normal se caracteriza por presentar una saturación prácticamente constante, en torno al 96%, mientras que los sujetos con trastornos respiratorios presentan desaturaciones que producen mínimos en torno al $65.9 \pm 22.6\%$ [5].

Teniendo en cuenta las consideraciones realizadas en los párrafos precedentes, en el apartado 3.2 se explica el origen de la base de datos de registros que se ha utilizado. En el apartado 3.3 se explica la polisomnografía llevada a cabo a los sujetos incluidos en el estudio y se presentan las características más relevantes de estos. Finalmente, el apartado 3.4 se centra en describir la poligrafía respiratoria de la que proceden los registros y la señal de SpO₂.

3.2 POBLACIÓN BAJO ESTUDIO

En este trabajo se han analizado registros de SpO₂ correspondientes a 50 sujetos procedentes de la PR realizada en el domicilio del paciente. La tabla 3.1 recoge los datos sociodemográficos y clínicos de esta población. Todos los sujetos habían sido remitidos por sospecha clínica de SAHS desde los Servicios de Otorrinolaringología y Pediatría a la Unidad de Trastornos Respiratorios del Sueño de Burgos desde septiembre de 2007 a julio de 2011. La muestra se compone de niños de ambos sexos de 3 a 13 años con signos y síntomas indicativos de SAHS (ronquido nocturno y/o pausas respiratorias nocturnas). Se excluyó a aquellos con enfermedad

concomitante grave, ya fuera médica o psiquiátrica, y a los que presentaban síntomas indicativos de enfermedades del sueño diferentes del SAHS. En todos los casos se obtuvo el consentimiento para la realización del estudio, que fue aprobado por el Comité Ético del Hospital Universitario de Burgos [24].

3.3 POLISOMNOGRAFÍA

La PSG, que es el método estándar de diagnóstico del SAHS, se efectuó en el laboratorio de sueño de forma simultánea y vigilada entre las 22.00 y 08.00 h del día siguiente. Para la PSG nocturna, se utilizó el polisomnógrafo Deltamed Coherence® 3NT versión 3.0 (diagniscan, SA, ACH-Werfen Company, París, Francia), con registro de 2 canales de electroencefalograma, electrooculograma derecho e izquierdo, electromiograma tibial y submentoniano, electrocardiograma, flujo oronasal mediante termistor, movimientos torácicos y abdominales con bandas, posición corporal por sensor de posición, saturación de oxígeno mediante pulsioximetría, ronquido y flujo aéreo a través de cánula nasal. La PSG se corrigió de forma manual aplicando los criterios convencionales de Rechtschaffen y Kales [44], y para la corrección de microdespertares (arousals) se emplearon los criterios de la American Academy of Sleep Medicine [45]. Los eventos respiratorios se corrigieron de forma manual siguiendo los criterios de la American Thoracic Society [46,47].

Se definió la apnea como el cese del flujo oronasal durante al menos dos ciclos respiratorios, con mantenimiento del esfuerzo toracicoabdominal (apnea obstructiva) o sin éste (apnea central). La hipopnea se definió como un descenso de al menos el 50% en la amplitud del flujo oronasal medido mediante termistor, durante al menos 2 ciclos respiratorios, con mantenimiento del esfuerzo respiratorio, asociado a la presencia de un microdespertar [45,26]. Se consideró como diagnóstico positivo de SAHS un AHI por hora de sueño igual o superior a 3 e/h. Todos los registros fueron salvados y almacenados en archivos independientes para su posterior análisis.

En base al diagnóstico de la PSG, se diagnostican 26 SAHS positivo y 24 SAHS negativo. La edad media de los sujetos que se han empleado en el estudio es de 5.3 ± 2.55 años (media \pm desviación típica) y su índice de masa corporal (*Body Mass Index*, BMI) de 16.51 ± 2.47 . Se puede ver en la tabla 3.1 que tanto el BMI como la edad están pareados entre los dos grupos. Es importante que el BMI sea parecido en ambos grupos ya que la obesidad es un factor de riesgo del SAHS que, de no ser similar en ambos conjuntos de sujetos, podría condicionar los resultados obtenidos en el estudio [1].

El 54% de los sujetos del estudio (27) son niños, por un 46% (23) de niñas. A diferencia de en adultos, en niños no se encuentran diferencias en la prevalencia del SAHS entre sexos [48]. Lógicamente, el AHI de los sujetos con diagnóstico SAHS positivo es mayor que el de los que tienen un diagnóstico SAHS negativo. Los primeros alcanzan un valor promedio de 17.89 eventos por hora, mientras que los segundos tienen un AHI promedio de 1.30 eventos/hora.

TABLA-3.1 Datos demográficos y clínicos de la población bajo estudio.

	Todos los sujetos	SAHS positivos	SAHS negativos	p-valor
Sujetos	50	26	24	-
Edad (años)	5.3±2.55	5.42±2.69	5.17±2.44	0.9762
Niños (%)	54	61.54	45.83	0.2754
BMI (kg/m ²)	16.51±2.47	16.87±2.99	16.13±1.74	0.9381
AHI (e/h)	-	17.89±15.40	1.30±0.79	$p \ll 0.01$

3.4 POLIGRAFÍA RESPIRATORIA

La PR se efectuó en el domicilio del paciente entre las 22.00 y 08.00 h del día siguiente. Para la PR se utilizó el polígrafo eXim Apnea Polygraph (Bitmed®, Sibel S.A., Barcelona, Spain) con registro de 6 canales: flujo oronasal mediante termistor, movimientos torácicos por pletismografía de impedancia, posición corporal con sensor de posición, ronquido mediante micrófono, frecuencia cardíaca y saturación de oxígeno por pulsioximetría [24].

3.4.1 Señal de saturación de oxígeno en sangre.

La SpO₂, expresa la cantidad de oxígeno que se combina con la hemoglobina, dando lugar a la oxihemoglobina, que es quien transporta el oxígeno en sangre hacia los tejidos. Al medir la saturación de oxígeno, no se mide la cantidad de oxígeno en sangre o el oxígeno que llega a los tejidos, sino la cantidad de oxígeno combinado con la hemoglobina respecto a la hemoglobina presente en la sangre, por eso lo que se obtiene es una medida relativa, un porcentaje, y no una medida absoluta [49].

El principio de funcionamiento de los sensores de saturación consiste en que el color de la sangre varía dependiendo de lo saturada de oxígeno que se encuentre, debido a las propiedades ópticas de las moléculas de hemoglobina. Cuando una molécula de hemoglobina libera oxígeno pierde su color rosado, adquiriendo un tono más azulado y dejando pasar menos luz roja. Los oxímetros aprovechan este fenómeno y determinan la saturación de oxígeno midiendo espectrofotométricamente el grado de azules de la sangre arterial y expresándolo en términos de saturación. [49].

Para conseguir esto, los sensores contienen un par de emisores de luz a diferentes longitudes de onda y un único receptor. En una de las longitudes de onda emitidas la absorción es muy dependiente de la saturación de oxígeno, mientras que en la otra, la absorción teóricamente no varía con la SpO₂ pero sí con la cantidad de sangre, y por lo tanto, variará con el pulso. La primera de las longitudes de onda, la dependiente de la saturación, se suele fijar en el entorno del rojo del espectro visible, generalmente en 660nm, mientras que la segunda se suele situar en el rango del infrarrojo, generalmente a 940nm [49]. La configuración más común consiste en

situar dos diodos LED de estas longitudes de onda a un lado del dedo índice y sensores sensibles a dichas longitudes en el lado opuesto [50].

Por lo tanto se detectarán dos señales, una que varía con el pulso y con la saturación, y otra que varía solamente con el pulso, de manera que es posible modular la primera de ellas mediante la segunda y obtener de esta forma una lectura permanente de la SpO_2 . Es por ello que los equipos de oximetría se denominan en algunos textos pulsioxímetros u oxímetros de pulso, y la técnica de medida de la saturación pulsioximetría [49].

Un sujeto normal se caracteriza por presentar una saturación constante, en torno al 96%, mientras que los sujetos con trastornos respiratorios presentan desaturaciones que producen mínimos en torno al $65.9 \pm 22.6\%$ [5]. Para adquirir los registros de SpO_2 se empleó una frecuencia de muestreo de 100 muestras/segundo (100 Hz). En las Figuras 3.1 (a) – (c) se muestran 3 ejemplos típicos de registros nocturnos de SpO_2 .

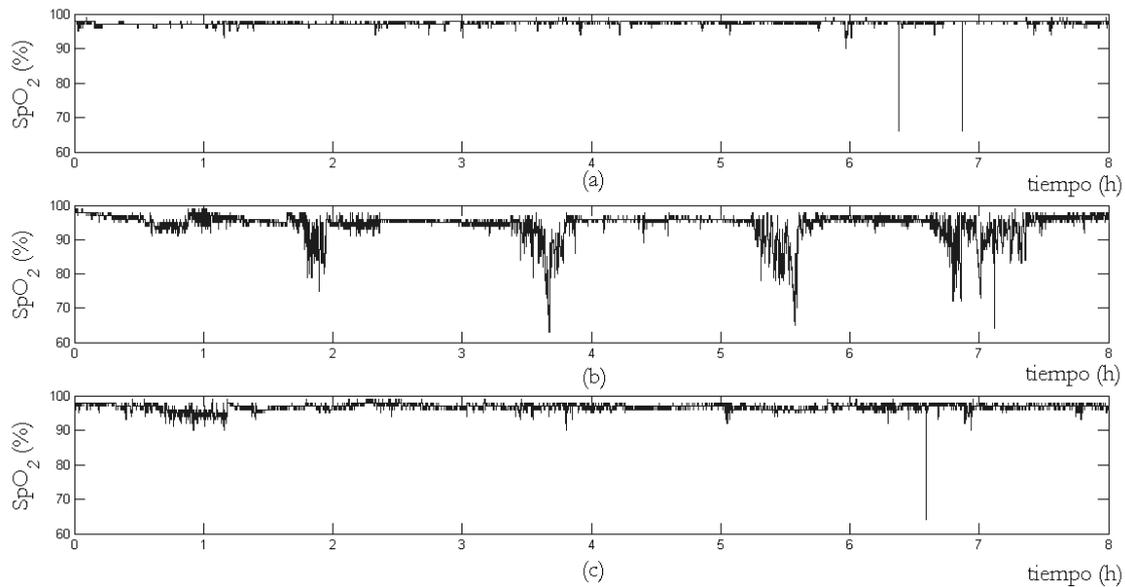


Figura 3.1. Ejemplos representativos del registro de SpO_2 en (a) un sujeto SAHS negativo típico, (b) un paciente SAHS positivo típico y (c) un sujeto SAHS positivo dudoso.

Capítulo IV: METODOLOGÍA

4.1 INTRODUCCIÓN

El estudio desarrollado en el presente TFG ha empleado una metodología basada en la extracción, selección y clasificación de características de la señal de SpO₂.

En primer lugar, se han aplicado momentos estadísticos, métodos espectrales y no lineales a la señal de SpO₂ para extraer parámetros que la caractericen. A continuación, se ha evaluado de forma individual la capacidad diagnóstica de estos parámetros mediante la construcción de curvas ROC con un proceso de validación cruzada dejando uno fuera. Se ha realizado un análisis mediante momentos estadísticos tanto a las series temporales como a la densidad espectral de potencia (*Power Spectral Density*, PSD) en la banda de interés, calculada mediante el método de Welch [51]. Para obtener los parámetros espectrales se ha calculado la PSD de cada registro y se han estimado los siguientes parámetros: potencia total en la banda de interés (P_T), máximo de la PSD en la banda de interés (*Peak amplitude*, P_A), y la potencia relativa (P_R). Finalmente, se han calculado los parámetros no lineales a partir de las series temporales, calculándose la medida de la tendencia central (*Central Tendency Measure*, CTM), la complejidad de Lempel-Ziv (*Lempel-Ziv Complexity*, LZC) y la entropía muestral (*Sample Entropy*, *SampEn*).

Tras la fase de extracción se ha llevado a cabo la fase de selección de características, que ha tomado como entrada el conjunto de parámetros obtenido en la fase de extracción y ha proporcionado un subconjunto óptimo de variables para maximizar el potencial diagnóstico de los registros de SpO₂. Finalmente, se ha evaluado la capacidad diagnóstica de estos subconjuntos al ser aplicados como entrada a un clasificador, mediante la construcción de curvas ROC y validación cruzada dejando uno fuera, al igual que con los parámetros individuales. Los clasificadores usados han sido LDA y LR.

Todos los métodos automáticos de procesamiento de la señal empleados en este TFG han sido implementados mediante la herramienta de desarrollo *software* Matlab® 7.6.0 (R2008a). Además, se ha empleado esta herramienta y el *software* de estadística SPSS® 15.0.1 (2006) para realizar la evaluación estadística de los resultados.

4.2 EXTRACCIÓN DE CARACTERÍSTICAS

En esta primera fase se han extraído una serie de características de la señal de SpO₂ de diferente naturaleza (momentos estadísticos, espectrales y no lineales) para intentar que la información obtenida sea lo más complementaria posible.

4.2.1 Momentos estadísticos

Los momentos estadísticos de orden 1 a 4 centrados en la media ($M1-M4$) son estadísticas que permiten parametrizar diferentes características básicas de una distribución de datos. La media aritmética ($M1$), varianza ($M2$), skewness ($M3$) y kurtosis ($M4$) permiten cuantificar la tendencia central, dispersión, asimetría y concentración de los datos, respectivamente [52].

Los momentos se han calculado utilizando las siguientes expresiones [52]:

$$M_1 = E[x] = \mu = \frac{1}{N} \sum_{n=1}^N x_n, \quad (4.1)$$

$$M_2 = \sigma^2 = E[(x - \mu)^2], \quad (4.2)$$

$$M_3 = \frac{1}{\sigma^3} E[(x - \mu)^3], \quad (4.3)$$

$$M_4 = \frac{1}{\sigma^4} E[(x - \mu)^4], \quad (4.4)$$

Estos momentos estadísticos se han aplicado tanto a las señales en el dominio del tiempo como a sus PSDs. Para aplicarlos en el dominio del tiempo, se construyó el histograma de amplitudes de SpO₂ (%) a partir de las muestras de cada registro. De manera similar, se construyó el histograma a partir de la amplitud de la PSD (W/Hz) en cada componente frecuencial para aplicar los momentos estadísticos en el dominio de la frecuencia [53]. La envolvente de los histogramas promedio para los grupos SAHS positivo y SAHS negativo bajo estudio se pueden ver en la Figura 4.1.

Para evitar que los momentos estadísticos se vean afectados en exceso por los valores espurios característicos de las señales biomédicas, en este estudio se ha optado por aplicar el cálculo de estos métodos sobre tramas cortas de la serie temporal original. Posteriormente se ha calculado el promedio de todos los valores obtenidos de cada trama y se ha tomado como el momento estadístico de la señal completa. Se ha seleccionado un tamaño de trama de 6000 muestras para que la duración de cada segmento sea de 1 minuto, ya que la frecuencia de muestreo de los registros es de 100 Hz.

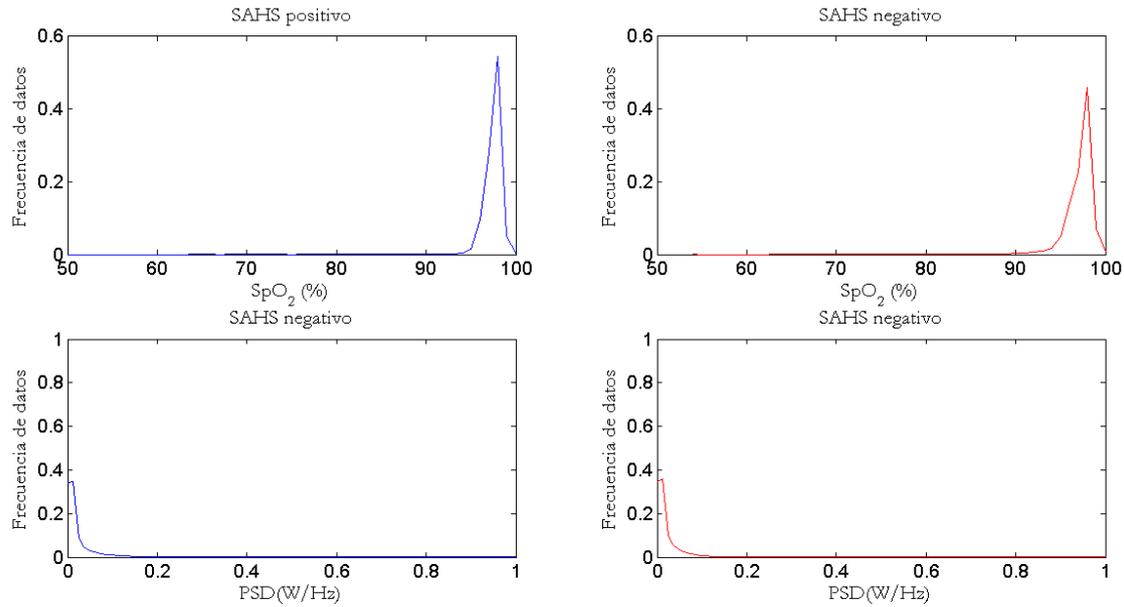


Figura 4.1. Histogramas normalizados en el dominio del tiempo y de la frecuencia

4.2.2 Análisis espectral

El análisis espectral es la metodología clásica en el procesamiento de señales biomédicas. A partir de la información contenida en el espectro de las señales biomédicas es posible extraer características que describan de qué forma actúan los sistemas biológicos o cómo determinados estados de enfermedad modifican los registros bajo estudio. Este tipo de análisis requiere que las señales a analizar sean de carácter estacionario [54]. Por este motivo es frecuente que se utilicen técnicas espectrales que involucran a la transformada corta de Fourier (*Short Time Fourier Transform*, STFT), ya que al dividir la señal original en segmentos de corta duración, el comportamiento de los datos se asemeja más a la estacionariedad requerida.

Una de las técnicas basadas en STFT es la estimación de la PSD a través del método de Welch [51]. Este método se engloba dentro de los denominados no paramétricos y emplea la transformada rápida de Fourier (*Fast Fourier Transform*, FFT). Además, es uno de los más utilizados en estimación espectral [55].

El método de Welch presenta las siguientes ventajas con respecto a otros [51]:

- Menor carga computacional.
- Menor necesidad de almacenamiento.
- Mejor aplicación sobre señales no estacionarias.
- Reducción del ruido en la estimación espectral.

El algoritmo para obtener el estimador de la PSD a través del método de Welch se detalla a continuación [51]:

1. Se divide la serie temporal original $x[n]$ en M segmentos solapados (overlap) de longitud L .

$$\begin{aligned} x_1[l] &= x[l] & l &= 0, \dots, L-1 \\ x_2[l] &= x[l + \text{overlap}] & l &= 0, \dots, L-1 \\ \vdots & & & \\ x_M[l] &= x[l + (M-1) \cdot \text{overlap}] & l &= 0, \dots, L-1 \end{aligned} \quad (4.5)$$

2. Cada uno de los segmentos se promedia a través de una función $w[l]$ de longitud L que suaviza los bordes y mejora la resolución espectral del estimador:

$$\begin{aligned} v_m[l] &= x_L[l]w[l], & l &= 0, \dots, L-1 \\ & & m &= 1, \dots, M \end{aligned} \quad (4.6)$$

3. Se calcula el periodograma modificado de cada segmento $v_m[l]$ aplicando la FFT:

$$P_{x_m x_m}[f_k] = \frac{|V_m[f_k]|^2}{f_s L U}, \quad f_k = k \frac{f_s}{N}, \quad k = 0, \dots, N-1, \quad m = 1, \dots, M \quad (4.7)$$

siendo V_m la transformada discreta de Fourier (*Discrete Fourier Transform, DFT*) de N puntos del segmento $v_m[l]$,

$$V_m[f_k] = \sum_{n=0}^{N-1} v_m[n] e^{-j \frac{2\pi k}{N} n} \quad (4.8)$$

y U una constante de normalización dependiente de $w[l]$,

$$U = \frac{1}{M} \sum_{n=0}^{M-1} |w[n]|^2 \quad (4.9)$$

4. Para terminar se promedian todos los periodogramas $P_{x_m x_m}[f_k]$ para obtener la estimación de la PSD.

Los parámetros de configuración del método de Welch utilizado en este TFG, han consistido en una ventana deslizante de Hamming de longitud $L = 6000$ muestras con un solapamiento del 50%. Además, se han aplicado DFTs de $N = 8192$ puntos.

4.2.2.1 Determinación de la banda de interés

Como paso previo a la aplicación de los métodos espectrales, es necesario analizar las PSDs de los registros de SpO₂ con el objetivo de establecer la banda de interés del espectro en la que haya mayores diferencias entre los grupos SAHS positivo y SAHS negativo.

Para determinar estas bandas se procede de dos formas diferentes. En primer lugar, se representan las PSD promedio de cada uno de los grupos, para localizar cualitativamente diferencias en sus espectros de frecuencia. El otro procedimiento que se utiliza para determinar cuantitativamente la banda de interés es la representación del *p-valor* obtenido de la comparación, para cada frecuencia, de los valores de la amplitud de las PSDs de los registros SAHS positivo y SAHS negativo mediante un test estadístico apropiado. De esta forma, se localizan aquellas zonas del espectro en las que las diferencias entre grupos son más significativas.

4.2.2.2 Parámetros espectrales

A partir de la PSD en la banda de interés se han calculado las siguientes características espectrales: potencia total en la banda de interés (P_T), máximo de la PSD en la banda de interés (*Peak amplitude*, PA), y la potencia relativa (P_R). Los parámetros P_T y P_R ya han sido empleados con anterioridad dentro del contexto del SAHS en niños para caracterizar el espectro de la señal de SpO₂ [19].

Potencia total en la banda de interés (P_T)

P_T es un parámetro típico del análisis espectral. Se calcula hallando el área total bajo la curva de la PSD en la región de interés. Este parámetro aproxima la cantidad de potencia espectral contenida en una banda de interés.

Se puede definir de la siguiente forma:

$$P_T = \sum_{f=f_i}^{f_{N-1}} \frac{PSD(f_i) + PSD(f_{i+1})}{2} \cdot (f_{i+1} - f_i), i = 1, 2, \dots, N - 1, \quad (4.10)$$

siendo N el número de puntos de la PSD en la banda de frecuencias de interés y f_i la frecuencia asociada a cada uno de esos puntos.

Los eventos de apnea e hipopnea se repiten de manera cuasiperiódica a lo largo de las diferentes etapas del sueño. Por este motivo se espera que, para la señal SpO₂, en sujetos SAHS positivo haya una mayor potencia asociada a la banda de frecuencias que se corresponde con esa periodicidad de los eventos. Por el contrario, en los sujetos SAHS negativo se espera que la potencia distribuida en esa banda no sea significativa. Esta diferencia constituye un método de discriminación entre poblaciones bastante efectivo.

Máximo de la PSD en la banda de interés (PA)

Este parámetro se corresponde con el máximo local en una cierta región de interés de la PSD. Es decir, la densidad de potencia máxima en esa región. Se puede definir de la siguiente forma:

$$PA = \max_{PSD}\{PSD(f)\}, f(Hz) \in [f_i, f_{N-1}], i = 1, 2, \dots, N - 1, \quad (4.11)$$

siendo N el número de puntos de la PSD en la banda de frecuencias de interés, y f_i la frecuencia asociada a cada uno de esos puntos.

De manera análoga al caso de P_T si los sujetos SAHS positivo manifiestan componentes frecuenciales asociadas a eventos de apnea e hipopnea, debería verse reflejado en un pico de amplitud en la banda correspondiente de su PSD. Es de esperar que este pico no sea tan pronunciado en los sujetos SAHS negativo por el menor número de eventos de apnea e hipopnea que padecen durante el sueño.

Potencia relativa (P_R)

La potencia relativa en la región de interés se corresponde con la relación entre la potencia en la banda de frecuencias de interés y la potencia de la señal en todo el espectro. Este parámetro puede ser calculado mediante la siguiente expresión:

$$P_R = \frac{\sum_{f_i}^{f_{N-1}} PSD(f)}{\sum_{f=0}^{f_{s/2}} PSD(f)}, i = 1, 2, \dots, N - 1, \quad (4.12)$$

siendo N el número de puntos de la PSD en la banda de frecuencias de interés, y f_i la frecuencia asociada a cada uno de esos puntos.

Es de esperar que en sujetos SAHS positivo una mayor parte de la potencia de la señal esté concentrada en la banda de interés respecto a la PSD de los sujetos SAHS negativo, esto se verá reflejado en la potencia relativa.

4.2.3 Métodos no lineales

Los métodos lineales convencionales extraen información muy útil de las señales, pero no son capaces de representar por sí solos todo el conjunto de las actividades biológicas. Además, estos métodos asumen que los registros a analizar son de carácter estacionario [56]. Los métodos no lineales, son capaces de proporcionar información de las señales biomédicas que con los métodos clásicos de análisis lineal no es posible [56]. La utilidad de estos métodos en el análisis de registros biomédicos ha sido demostrada en diferentes estudios. Estos incluyen el estudio del EEG [57-59], MEG [60-62] y HRV [63]. En cuanto a la posible utilidad del análisis no lineal en el diagnóstico del SAHS, hay estudios que han implementado diferentes métodos no lineales sobre registros de SpO₂ como ayuda al diagnóstico del SAHS en adultos [53,64-69], lo que motiva el uso de este tipo de análisis con registros de SpO₂ para el diagnóstico del SAHS infantil.

Los métodos de análisis no lineal se aplican directamente sobre las series temporales, es decir, sobre la señal biomédica original. Los métodos que se han utilizado en este trabajo, tratan de estimar la variabilidad, la complejidad y la irregularidad de las señales de SpO₂.

Los métodos no lineales calculados en este estudio han sido el *CTM*, la *SampEn* y la *LZC*.

Medida de la tendencia central (CTM)

CTM es un método que mide la variabilidad, o grado de caos, en series temporales. Para ello se apoya en diagramas de diferencias de segundo orden que se forman a partir del desplazamiento temporal de la señal original $x[n]$: $(x[n+2] - x[n+1])$ vs. $(x[n+1] - x[n])$ [70]. El valor del *CTM* se halla seleccionando una circunferencia de radio r sobre el diagrama y hallando la relación entre el número de puntos que quedan dentro de esa circunferencia y el número de puntos totales. Así, el valor estará contenido siempre entre 0 y 1.

Matemáticamente el *CTM* se define como [70]:

$$CTM = \frac{[\sum_{i=1}^{N-2} \delta(d_i)]}{N-2} \quad (4.13)$$

con

$$\delta(i) = \begin{cases} 1 & \text{si } [(x[n+2]-x[n+1])^2 + (x[n+1]-x[n])^2]^{1/2} < r \\ 0 & \text{en caso contrario} \end{cases} \quad (4.14)$$

En función de estas expresiones se deduce que *CTM* tenderá a valores cercanos a 1 cuantos más puntos se encuentren dentro de la circunferencia, es decir, cuanta menos variabilidad haya. Por el contrario, menos puntos dentro de la circunferencia indicarán mayor variabilidad en la serie temporal y el valor de *CTM* se aproximará más a 0. En este estudio se espera que en las señales de SpO₂ correspondientes a los sujetos SAHS positivo haya mayor variabilidad que en las de los sujetos SAHS negativo, debido al mayor número de eventos de apnea e hipopnea, por lo que su *CTM* debería ser menor.

Por lo tanto, hay dos parámetros a considerar a la hora de configurar el método de cálculo del *CTM*, el radio r y el tamaño de cada segmento de la señal (N_{trama}).

La elección del radio del *CTM* se debe realizar en base a la naturaleza de los datos de la serie [70]. Si lo que se pretende es realizar discriminación entre grupos de población, como ocurre en este estudio, una manera de determinar el radio más adecuado para el *CTM* es el uso del *p-valor*. Para ello se aplica el test estadístico más apropiado según la distribución de los datos para cada valor del radio y se selecciona aquel que proporcione diferencias más significativas entre los grupos (con un menor valor del *p-valor*) [71]. En esta investigación, se han analizado valores del radio del *CTM* de 1 a 10.

Para evitar que *CTM* se vea afectado en exceso por los valores espurios característicos de las señales biomédicas, en este estudio se ha optado por aplicar el método sobre tramas cortas de la serie temporal original. Posteriormente se ha

calculado el promedio de todos los valores obtenidos de cada trama y se ha tomado como el *CTM* de la señal completa.

El tamaño de trama seleccionado es 6000 muestras, de modo que la duración de cada segmento de la señal sea de 1 minuto. En la Figuras 4.2 se muestran tres ejemplos de diagramas de diferencias de segundo orden de registros de SpO_2 correspondientes a un SAHS negativo, un SAHS positivo y un SAHS positivo dudoso

Entropía Muestral (*SampEn*)

La entropía muestral (*SampEn*) nos permite cuantificar la regularidad de una serie temporal [72]. *SampEn* (m, r, N), es igual al valor negativo de la probabilidad condicional de que dos secuencias similares para m puntos se mantengan similares para $m + 1$ puntos, donde no se tienen en cuenta las autocomparaciones en el cálculo de las probabilidades. Un valor reducido de *SampEn* indicará una mayor regularidad dentro de la serie temporal.

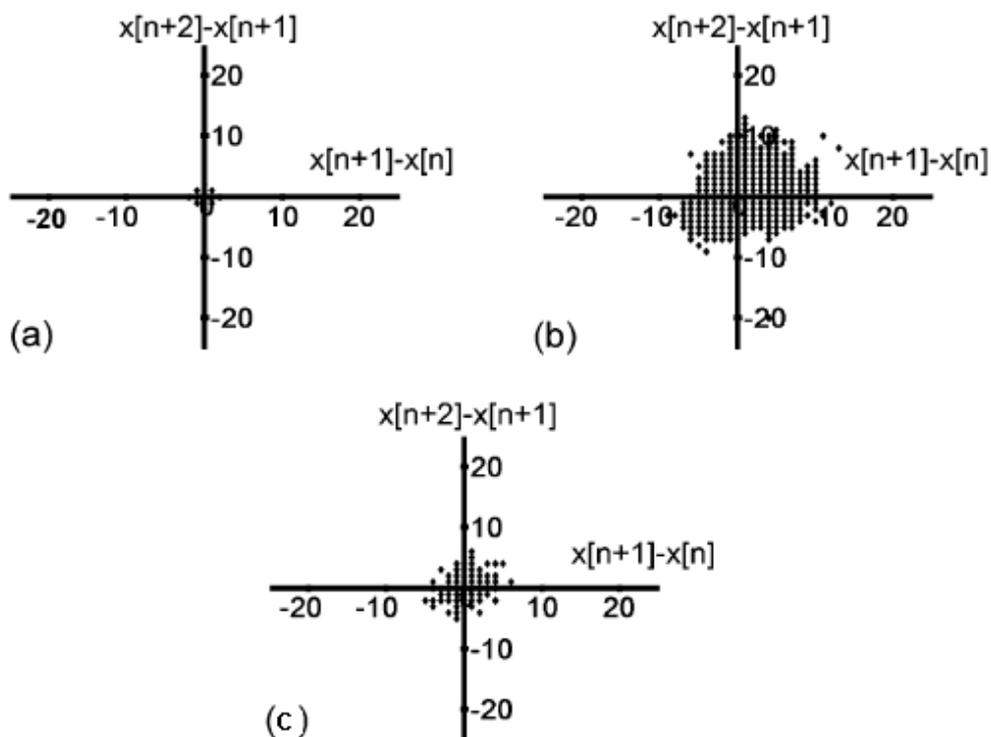


Figura 4.2. Ejemplos de diagramas de diferencias de segundo orden obtenidos de registros de SpO_2 en a) un sujeto SAHS negativo, b) un sujeto SAHS positivo y c) un sujeto SAHS positivo dudoso [68].

Formalmente, dados N puntos de una serie temporal $\{x(n)\} = x(1), x(2), \dots, x(N)$, para definir la *SampEn* hay que seguir los siguientes pasos [57]:

1. Se crean los vectores $X_m(1), \dots, X_m(N - m + 1)$ definidos como:

$$X_m(i) = [x(i), x(i + 1), \dots, x(i + m - 1)], \quad (4.15)$$

para $1 \leq i \leq N - m + 1$. Estos vectores representan m valores consecutivos de la serie original $x(n)$.

2. Se define la distancia entre $X_m(i)$ y $X_m(j)$ como el máximo valor absoluto de la diferencia entre las componentes de ambos vectores:

$$d[X_m(i), X_m(j)] = \max_{k=0, \dots, m-1} (|x(i + k) - x(j + k)|), \quad (4.16)$$

3. Para cada $X_m(i)$ dado, se define B_i como el número de j ($1 \leq j \leq N - m + 1, j \neq i$) tales que $d[X_m(i), X_m(j)] \leq r$. Entonces, para $1 \leq j \leq N - m + 1$, se construye:

$$B_i^m(r) = \frac{1}{N-m-1} B_i, \quad (4.17)$$

4. Se define $B^m(r)$ como:

$$B^m(r) = \frac{1}{N-m} \sum_{i=1}^{N-m} B_i^m(r), \quad (4.18)$$

5. Posteriormente, se aumenta la dimensión a $m + 1$ y se calcula A_i como el número de j ($1 \leq j \leq N - m + 1, j \neq i$) tales que $d[X_{m+1}(i), X_{m+1}(j)] \leq r$, donde j varía desde 1 a $N - m, j \neq i$. Entonces se define $A_i^m(r)$ como:

$$A_i^m(r) = \frac{1}{N-m-1} A_i, \quad (4.19)$$

6. Se fija $A^m(r)$ como:

$$A^m(r) = \frac{1}{N-m} \sum_{i=1}^{N-m} A_i^m(r), \quad (4.20)$$

Por lo tanto, $B^m(r)$ es la probabilidad de que dos secuencias coincidan en m puntos, mientras que $A^m(r)$ es la probabilidad de que dos secuencias coincidan en $m+1$ puntos.

Finalmente, se define la entropía muestral como:

$$SampEn(m, r) = \lim_{N \rightarrow \infty} \left\{ -\ln \left[\frac{A^m(r)}{B^m(r)} \right] \right\}, \quad (4.21)$$

la cual es estimada por el estadístico:

$$SampEn(m, r) = -\ln \left[\frac{A^m(r)}{B^m(r)} \right], \quad (4.22)$$

Una serie temporal con muchos patrones dominantes y subdominantes obtendrá un valor de *SampEn* elevado, es decir, tendrá una irregularidad alta. Por el contrario, una serie temporal con pocos patrones dominantes y subdominantes obtendrá un valor de *SampEn* bajo, es decir, una irregularidad baja. Lo que se espera al aplicar este método en las poblaciones de SAHS positivo y SAHS negativo, es que la primera presente valores superiores a la segunda debido a los eventos de apnea que modifican el patrón cuasi-regular de los registros de SpO₂.

Es imprescindible considerar a *SampEn(m, r, N)* como una familia de parámetros. Las comparaciones deben realizarse para valores fijos de *m*, *r* y *N*. *N* es la longitud de las series temporales, *m* es la longitud de las secuencias a ser comparadas y *r* es la tolerancia para aceptar coincidencias.

El rango de valores de *r* y *m* adecuado para aplicar *SampEn* sobre señales biomédicas es limitado. En varios estudios se ha comprobado que utilizar valores de *m*=1 y 2, y *r* comprendido entre 0.1 y 0.25 veces la desviación típica (*Standard Deviation, SD*) de la serie temporal proporciona una buena reproductibilidad estadística de la *SampEn* [73,74]. Se ha escogido un valor de *N* de 6000 muestras, para que la duración de las series temporales sea de un minuto.

Complejidad de Lempel-Ziv (*LZC*)

La complejidad de Lempel Ziv (*LZC*) es una medida de complejidad no paramétrica de series unidimensionales de longitud finita [75]. Está relacionada con el número de subsecuencias (patrones) distintas y con la tasa de aparición de estas subsecuencias a lo largo de una serie temporal [76,77].

Para calcular *LZC* la serie temporal debe transformarse en una secuencia finita de símbolos. Generalmente, en el ámbito del análisis de señales biomédicas, se utilizan 2 o 3 símbolos (secuencias binarias o ternarias respectivamente). La forma de determinar si un valor se corresponde con un símbolo u otro es a través de umbrales. Si la secuencia en la que se va a transformar la serie temporal es binaria, se establece un umbral, mientras que si es ternaria hacen falta dos umbrales [76]. En el presente estudio, los umbrales de decisión establecidos se basan en la mediana de la serie temporal. El motivo de esta elección es la robustez de la mediana ante los valores espurios típicos de los registros biomédicos [78].

Las siguientes expresiones explican la transformación de una serie de datos $s(i) = \{x(i), i = 1, 2, \dots, N\}$ a una secuencia de símbolos binaria *P* a través de un único umbral *U*. Para la transformación ternaria se procedería de manera análoga:

$$P = s(1), s(2), \dots, s(n), \quad (4.23)$$

$$s(i) = \begin{cases} 0 & \text{si } x(i) < U \\ 1 & \text{en otro caso} \end{cases} \quad (4.24)$$

El valor de LZC se obtiene examinando la secuencia P de izquierda a derecha, incrementando el contador de complejidad $c(n)$ cada vez que se detecta una nueva subsecuencia de caracteres.

A continuación se muestra el algoritmo para calcular LZC [76,77]:

1. Sean S y Q dos subsecuencias de P , y SQ la concatenación de ambas. Además, SQ_π denota la misma concatenación SQ , a excepción del último símbolo (π es el operador que señala la eliminación del último carácter en una secuencia). $v(SQ_\pi)$ es el vocabulario de todas las subsecuencias de SQ_π . Como condiciones iniciales se tienen que $c(n) = 1$, $S = s(1)$ y $Q = s(2)$, por lo que $SQ_\pi = s(1)$.
2. En general, $S = s(1), s(2), \dots, s(r)$ y $Q = s(r+1)$ luego $SQ_\pi = s(1), s(2), \dots, s(r)$. Si Q pertenece a $v(SQ_\pi)$ entonces Q es una subsecuencia de SQ_π , no una nueva, y por tanto no se incrementa $c(n)$.
3. Q pasa entonces a ser $s(r+1), s(r+2)$ y se comprueba otra vez si pertenece a $v(SQ_\pi)$.
4. Se repiten los pasos 1 a 3 hasta que Q no pertenezca a $v(SQ_\pi)$. Entonces $Q = s(r+1), s(r+2), \dots, s(r+i)$ no será una subsecuencia de $SQ_\pi = s(1), s(2), \dots, s(r+i-1)$, por lo que se incrementa $c(n)$ en una unidad.
5. En ese momento, S pasa a ser $S = s(1), s(2), \dots, s(r+i)$ y $Q = s(r+i-1)$.

Este procedimiento se repite hasta que Q sea el último carácter. En ese momento $c(n)$ reflejará el número de subsecuencias diferentes, es decir, la medida de la complejidad. El valor del parámetro $c(n)$ depende de la longitud de la serie temporal de la que se obtiene. Para evitarlo, hace falta realizar una normalización:

$$LZC = \frac{c(n)}{b(n)}, \quad (4.25)$$

donde $b(n)$ es el límite superior teórico de $c(n)$. Para secuencias de 2 símbolos, formadas por ceros y unos, este límite superior se obtiene como [75]:

$$b(n) = \frac{n}{\log_2(n)}, \quad (4.26)$$

LZC está comprendido entre 0 y 1 aproximadamente [77], con valores próximos a 1 en aquellos casos en que haya un mayor número de subsecuencias, y por tanto una mayor complejidad, en la serie temporal analizada. En este estudio se espera que los sujetos del grupo SAHS positivo tengan una complejidad mayor que los del grupo

SAHS negativo, debido a la complejidad que introducen los eventos de apnea en los registros de SpO₂.

Como en el caso del *CTM*, el valor de *LZC* de cada registro también se ha obtenido promediando a lo largo de tramas de menor tamaño. Por este motivo, los grados de libertad en la configuración de *LZC* son 3: tamaño de las tramas (N), número de símbolos (a) y umbral o umbrales de decisión (U). En este estudio, se ha aplicado el algoritmo de Lempel-Ziv sobre segmentos de 6000 muestras, de modo que su duración sea un minuto. Al realizar la transformación de datos a una secuencia binaria, el número de símbolos (a) es 2, emplenado un único umbral, que es la mediana.

4.3 SELECCIÓN DE CARACTERÍSTICAS BIDIRECCIONAL POR PASOS

Tras la etapa de extracción de características, la información contenida en un registro queda sintetizada y codificada mediante un conjunto más o menos amplio de parámetros. Desde un punto de vista computacional, la selección de variables aporta varias ventajas a la hora de optimizar un modelo representado por un elevado conjunto de parámetros [79]:

- Facilita la visualización y compresión de los datos.
- Reduce las necesidades de recursos en cuanto a medida y almacenamiento de variables.
- Reduce los tiempos de entrenamiento y coste computacional.

Desde el punto de vista de la clasificación, a pesar de reducir la información de entrada al modelo, la selección de características proporciona notables mejoras [80,81]:

- Permite eliminar información redundante debido a características de entrada con un grado de correlación alto.
- Pueden detectarse aquellas características que mejor se complementan entre sí, aportando información útil para la clasificación al aplicarse simultáneamente.
- La complejidad del clasificador se reduce al disminuir el número de características de entrada al mismo. Como consecuencia, la capacidad de generalización del clasificador se ve incrementada.
- Permite abordar el problema del trabajo en espacios de alta dimensionalidad y mejorar la capacidad de predicción de los clasificadores.

Según su relación con la etapa de clasificación, los métodos de selección de subconjuntos óptimos de características se pueden dividir en [79,82]:

- Metodologías indirectas (*filter methods*). Se aplican como una etapa de preprocesado independiente del clasificador.
- Metodologías directas (*wrapper methods*). Emplean la precisión del clasificador seleccionado como métrica para evaluar cada subconjunto de variables.
- Metodologías embebidas (*embedded methods*). Integran la tarea de selección en el propio proceso de entrenamiento del clasificador.

En este estudio se ha aplicado la metodología de selección de características bidireccional por pasos.

Selección de características bidireccional por pasos

Los algoritmos secuenciales de selección hacia adelante (*sequential forward selection*) y eliminación hacia atrás (*sequential backward elimination*) permiten explorar el espacio original de p características en busca de un subconjunto de las mismas, sin necesidad de evaluar todas las combinaciones posibles [83]. Esta metodología de exploración da lugar a un grupo de subconjuntos anidados de características, como resultado de ir incorporando o eliminando variables secuencialmente [79,84]. Las principales ventajas de los métodos secuenciales son la eficacia computacional y la robustez frente al sobre-entrenamiento [84]. Su principal limitación es que una vez una variable es seleccionada o eliminada no es posible descartarla o re-seleccionarla en pasos posteriores [84,85]. Esta limitación ha sido superada integrando en cada paso del algoritmo tanto la incorporación como la eliminación de variables [86]. Estos algoritmos se conocen como selección bidireccional por pasos hacia adelante (*forward stepwise selection*) y eliminación bidireccional por pasos hacia atrás (*backward stepwise selection*) [86]. Los algoritmos bidireccionales pueden ser inicializados partiendo del conjunto vacío o del conjunto completo de características, así como de un subconjunto preliminar de variables [87].

El método bidireccional de selección de características paso a paso hacia adelante empleado en este TFG se basa en el algoritmo desarrollado por *Hosmer & Lemeshow* [88]. Este método es desarrollado para clasificación con regresión logística (*Logistic Regression*, LR), pero es generalizable al uso de cualquier otro clasificador, como el LDA. En este estudio, se ha realizado selección de características bidireccional por pasos mediante LDA y LR.

En este método, para determinar cuáles de las características son significativas y deben mantenerse en el modelo o cuáles proporcionan información redundante y deben ser eliminadas del mismo, se comparan modelos LR que se diferencian en un grado de libertad [89]. De esta forma, la importancia de una variable se define en

términos del p -valor correspondiente a la razón de verosimilitud o estadísticos equivalentes [88]. El algoritmo empleado se describe a continuación:

- **Paso 0.** El punto de partida es un modelo de regresión logística construido únicamente a partir del término constante β_0 . Se comprueba cual es la variable original más significativa construyendo un modelo para cada una de ellas y comparándolo mediante la prueba de la razón de verosimilitud con el modelo del término constante. Para cada variable individual, se calcula el estadístico y su p -valor, $p_j^{(0)}$. La variable más significativa, x_{e_1} será aquella con un menor p -valor.

$$p_{e_1}^{(0)} = \min(p_i^{(0)}). \quad (4.27)$$

Esta variable se considerará suficientemente significativa para entrar en el modelo si su p -valor es menor que un determinado umbral (α_E ($p_{e_1}^{(0)} < \alpha_E$). En caso contrario, el algoritmo se detendrá sin haber seleccionado ninguna variable. Según lo descrito en [88], este umbral suele estar comprendido entre 0.05 y 0.25. El primero se considera restrictivo y que puede dejar fuera del modelo variables importantes mientras que el segundo permite la entrada de un mayor número de características.

- **Paso 1.** Se parte de un modelo LR que contiene el término constante y la variable x_{e_1} . Para ver si alguna de las $(n - 1)$ variables restantes es significativa, se ajustan $(n - 1)$ modelos LR que contengan el término constante, x_{e_1} y x_j , con $j = 1, 2, \dots, n$ y $j \neq e_1$. Estos modelos se comparan con el modelo de partida, calculando los estadísticos de la prueba de la razón de verosimilitud y el p -valor $p_j^{(1)}$ asociado para cada modelo. La variable x_{e_2} más significativa será la que cumpla:

$$p_{e_2}^{(1)} = \min(p_j^{(1)}). \quad (4.28)$$

Esta variable entrará en el modelo si $p_{e_2}^{(1)} < \alpha_E$, haciendo que el algoritmo evolucione al siguiente paso. En caso contrario el algoritmo habrá terminado.

- **Paso 2.** Se parte del modelo que contiene el término constante x_{e_1} y x_{e_2} . En este paso se añade al algoritmo la posibilidad de eliminar variables del modelo previamente seleccionadas. Esto se hace con el objetivo de evaluar si, una vez introducida x_{e_2} , la variable x_{e_1} sigue aportando información significativa. En este sentido, se forman tantos modelos como variables se han introducido en los pasos anteriores, dejando fuera de cada uno de ellos solamente una de dichas variables. Cada modelo así construido se compara con el modelo de partida y se calcula el p -valor, $p_{-ei}^{(2)}$. La variable candidata a ser eliminada, x_{r_2} será aquella que cumpla:

$$p_{-r2}^{(12)} = \min(p_{-ei}^{(2)}). \quad (4.29)$$

La variable candidata será eliminada del modelo si supera un umbral de rechazo α_R , que ha de ser mayor que α_E . Este umbral suele estar comprendido entre 0.2 y 0.9 [88]. Tras el procedimiento de eliminación, se vuelve a evaluar la inclusión de más variables en el modelo. Para ello se forman modelos con el término constante, x_{e1} , x_{e2} y cada una de las restantes variables. Cada uno de estos modelos se compara con el modelo resultante tras el proceso de eliminación. Como en los pasos anteriores, si una variable candidata x_{e3} , asociada al menor *p-valor* $p_{e3}^{(2)}$, cumple que $p_{e3}^{(1)} < \alpha_E$, esta variable se incluye en el modelo. En caso contrario el algoritmo termina.

- **Pasos sucesivos.** En cada paso siguiente, el algoritmo realiza un procedimiento de evaluación de la condición de salida de variables seguido de un procedimiento de evaluación de la condición de entrada de variables..
- **Final del algoritmo.** El algoritmo termina cuando las n variables del espacio de características han sido incluidas en el modelo o bien cuando ninguna de las variables candidatas cumple la condición de entrada y ninguna de las variables incluidas cumple la condición de salida.

En este TFG se ha empleado este algoritmo bidireccional de selección de características por pasos hacia adelante para explorar el espacio de 14 características de oximetría derivadas de la señal de SpO₂. El test estadístico empleado en las comparaciones entre modelos LR fue la razón de verosimilitud [88], mientras que para comparar modelos LDA entre sí se empleó la R del F -test de Rao [88]. El objetivo de esta metodología es obtener un subconjunto óptimo de características que maximice la información que las características de la señal de SpO₂ aportan a los modelos LR y LDA para una mejor detección automática del SAHS.

4.4 CLASIFICACIÓN DE CARACTERÍSTICAS

Tras el proceso de selección de características bidireccional por pasos se ha obtenido un subconjunto reducido del espacio de características original. Estas variables seleccionadas son la entrada de un clasificador, que va a tomar estas características y las va a asignar a una de las categorías de clasificación.

En este TFG, se emplean dos clasificadores: *LDA* y *LR*.

4.4.1 Análisis Discriminante Lineal

LDA es un modelo de clasificación que divide el espacio de características de entrada en regiones de decisión, siendo la frontera que las separa una función lineal.

En reconocimiento estadístico de patrones, un vector de características de entrada $\mathbf{y} = [y_1, \dots, y_l] \in \mathfrak{R}^l$ debe ser asignado a una de las c categorías w_1, \dots, w_c . Cada vector \mathbf{y} perteneciente a la clase w_j ($j = 1, \dots, c$) es una observación elegida aleatoriamente de la probabilidad condicionada a la clase $p(\mathbf{y}|w_j)$. El clasificador puede ser visto como una función $f: \mathfrak{R}^l \rightarrow \{w_1, \dots, w_c\}$ [90]. La regla de decisión de Bayes permite minimizar la probabilidad de error en la etapa de clasificación [81]. Esta regla se puede definir de la siguiente manera:

$$\text{Se decide } w_j \text{ para } \mathbf{y} \text{ si } p(\mathbf{y}|w_j)P(w_j) = \max_{j=1, \dots, c} p(\mathbf{y}|w_j)P(w_j). \quad (4.30)$$

donde $P(w_j)$ es la probabilidad a priori de la clase w_j .

LDA requiere que las funciones de densidad de probabilidad condicionada de cada clase $p(\mathbf{y}|w_j)$ sigan una distribución normal, y que las matrices de covarianza de las clases sean idénticas (homocedasticidad) [91].

Sustituyendo la función estimada normal y multivariante $p(\mathbf{y}|w_j)$ en la ecuación 4.30 y tomando el logaritmo natural se llega a la regla [90]:

$$\text{Se decide } w_j \text{ para } \mathbf{y} \text{ si } h_j(\mathbf{y}) = \max_{j=1, \dots, c} h_j(\mathbf{y}) \quad (4.31)$$

donde $h_j(\mathbf{y})$ es la función discriminante para la clase w_j :

$$h_j(\mathbf{y}) = \mu_j^T \Sigma^{-1} \mathbf{y} - \frac{1}{2} \mu_j^T \Sigma^{-1} \mu_j + \ln P(w_j) \quad (4.32)$$

donde μ_j son el vector de medias de la clase w_j y Σ es la matriz de covarianza de los datos agrupados. Esta regla de clasificación se conoce como LDA ya que define una frontera de decisión lineal en el espacio de características [90].

4.4.2 Regresión Logística

La LR binaria permite estimar la probabilidad de que se produzca el suceso definido por una variable respuesta o dependiente dicotómica en función de los valores que adopten una o varias variables explicativas o independientes [91]. Esta capacidad hace que frente a otras metodologías de clasificación como LDA, que requieren que las variables independientes sean normales y homocedásticas, LR no realiza ninguna suposición sobre la naturaleza estadística de los datos [88,91].

La forma más sencilla de explicar la relación entre la variable respuesta y las variables independientes sería mediante el modelo lineal [88,89]:

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_{1i} + \beta_2 x_{2i} + \dots + \beta_n x_{ni} + \varepsilon_i \quad (4.33)$$

donde $y_i = \{0,1\}$ es cada uno de los dos valores que puede tomar la variable dicotómica dependiente Y , $\boldsymbol{\beta} = [\beta_1, \beta_2, \dots, \beta_n]$ es el vector de parámetros del modelo y ε_i denota un error para el que se cumple que $E[\varepsilon_i] = 0$. Sin embargo, a pesar de su sencillez, el modelo lineal presenta varias limitaciones [88,89]. Para garantizar que la respuesta del modelo se encuentre entre 0 y 1 y pueda ser interpretada en términos de probabilidad, el modelo *logit* aplica una transformación no lineal dada por una función monótona, creciente y acotada entre estos valores [89]. El modelo LR aplica la función de distribución *logística* para modelar la relación entre la probabilidad de que $Y = 1$ condicionada a un determinado valor de x . Si se denota por $\pi(x) = E[Y|x]$ a la esperanza matemática de la variable dependiente Y dados unos valores del conjunto de variables independientes x , la expresión matemática del modelo de LR es la siguiente [88,89]:

$$g(x) = \text{logit}[\pi(x)] = \ln \left[\frac{\pi(x)}{1-\pi(x)} \right] = \beta x, \quad (4.34)$$

donde:

$$\pi(x) = \frac{e^{\beta x}}{1+e^{\beta x}} \quad (4.35)$$

4.5 ANÁLISIS ESTADÍSTICO

4.5.1 Estacionariedad de la señal de SpO₂

Lo habitual es que las señales biomédicas no sean de carácter estacionario, lo que implica que sus propiedades estadísticas varían con el tiempo. Esta propiedad supone una limitación para muchos de los métodos convencionales de procesamiento de señal, especialmente los métodos espectrales basados en la transformada de Fourier. Si no se cumple esta condición de estacionariedad, se van a obtener resultados sesgados.

La señal de SpO₂ tiende a permanecer constante en torno al 96% en los sujetos de control, mientras que los enfermos de SAHS pueden presentar profundas pero muy lentas desaturaciones. Al ser lentas estas desaturaciones (se puede decir que la SpO₂ es una señal de variación lenta) no se producen cambios transitorios. Esto se corresponde con el hecho de que el contenido espectral de la señal de SpO₂ esté en la banda de muy bajas frecuencias, como se ha visto anteriormente en el histograma de la Figura 4.1.

En este estudio, se ha dividido cada registro de SpO₂ en segmentos de 6000 muestras, correspondientes a un periodo de 1 minuto de la señal, tiempo suficiente grande como para incluir varios episodios de apnea, y suficientemente corto como para asumir estacionariedad.

4.5.2 Test no paramétrico de Mann-Whitney

Las diferentes técnicas paramétricas de análisis de la varianza se engloban comúnmente bajo la denominación abreviada de ANOVA (*ANalysis Of VAriance*). El planteamiento más simple de análisis de la varianza consiste en determinar en qué medida se puede atribuir la variabilidad de una variable cuantitativa a otra variable cualitativa nominal denominada factor. Éste es el denominado ANOVA de un solo factor o vía, que puede tener dos o más categorías o muestras. El caso particular de ANOVA de una vía cuando es aplicado sobre dos muestras o grupos de población se denomina test de Student [93].

Para poder aplicar ANOVA se tienen que cumplir una serie de condiciones estadísticas [91]:

- Las muestras o grupos de población aleatoriamente seleccionados deben ser independientes.
- Normalidad, la distribución de probabilidad de la variable bajo estudio debe ser normal en cada uno de los grupos o muestras
- Homocedasticidad de las muestras, es decir que todos los grupos de población tengan la misma varianza.

Sin embargo, los parámetros extraídos de los registros de SpO₂ para ambos grupos de población, aunque son independientes, no cumplen ni la condición de normalidad (test de Kolmogorov-Smirnoff) ni la de homocedasticidad (prueba de Leneve). Por lo tanto, al no ser posible asumir las condiciones para la aplicación de ANOVA, es necesario utilizar test estadísticos no paramétricos, como el test de Wilcoxon, el test de Mann-Whitney o el test de Kruskal-Wallis.

En este TFG se ha aplicado el test no paramétrico de Mann-Whitney, que es el más adecuado cuando se tienen dos grupos de población, para buscar diferencias estadísticas significativas entre los grupos SAHS negativo y SAHS positivo para las características bajo estudio.

4.5.3 Medidas de la capacidad de clasificación de un test diagnóstico

La utilidad de un test diagnóstico se puede expresar a partir de diferentes parámetros que se agrupan por pares, formando así pares de medidas complementarias. Estas medidas se suelen obtener a partir de la matriz de confusión (confusión matrix), que compara los resultados del test bajo estudio con los resultados del test de referencia estándar. Los elementos de esta matriz al evaluar un

test diagnóstico que trata de diferenciar entre dos muestras de población (patología negativa vs. patología positiva) son las siguientes:

- Verdaderos positivos (*True Positives, TP*). Es el número de sujetos realmente enfermos o positivos (según el test de referencia) que han sido determinados como tales por el test bajo estudio.
- Falsos negativos (*False Negatives, FN*). Es el número de sujetos realmente enfermos que han sido diagnosticados como negativos o sanos por el test a evaluar.
- Verdaderos negativos (*True Negatives, TN*). Es el número de sujetos negativos correctamente diagnosticados por el test bajo estudio.
- Falsos positivos (*False Positives, FP*). Contabiliza el número de sujetos negativo incorrectamente clasificados como enfermos por el test a evaluar.

A partir de los elementos de la matriz de confusión, a la hora de evaluar la capacidad diagnóstica de las distintas características obtenidas de los registros, y de los modelos construidos a partir de ellas, se han empleado los siguientes parámetros:

- Sensibilidad (S). Determina el porcentaje de sujetos positivos correctamente clasificados por el test bajo estudio. Viene determinada por:

$$S = \frac{TP}{TP+FN} \quad (4.36)$$

- Especificidad (E). Determina el porcentaje de sujetos negativos correctamente clasificados por el test a evaluar. Viene determinada por:

$$E = \frac{TN}{TN+FP}, \quad (4.37)$$

- Precisión (P). Determina el porcentaje de sujetos correctamente clasificados. Viene determinada por:

$$P = \frac{TP+TN}{TP+TN+FP+FN}, \quad (4.38)$$

En este TFG se han empleado estos parámetros para evaluar la capacidad de clasificación de las diferentes características bajo estudio.

4.5.4 Curvas *Receiver Operating Characteristics* (ROC)

Uno de los objetivos fundamentales de las curvas ROC es hallar un umbral de decisión óptimo con el que, a partir de una característica dada, poder determinar si

un sujeto pertenece a un grupo diagnóstico o a otro en función de ella. Este tipo de análisis se basa en que, al examinar la capacidad diagnóstica de un test, no se obtiene un único valor de sensibilidad y otro de especificidad [94]. Se producen al menos tantos pares sensibilidad-especificidad como el número de sujetos de los que consta la base de datos incluida en el estudio, ya que de cada registro se puede obtener un umbral de decisión.

En este sentido, la curva ROC es un gráfico en el que se representa todo el rango de pares sensibilidad-especificidad obtenidos de una determinada característica o modelo. El eje de ordenadas representa todos los valores de sensibilidad, mientras que en el de abscisas se expresan los valores de 1-especificidad [95]. De esta forma, la curva ROC muestra gráficamente la capacidad diagnóstica de un test examinando todos los umbrales de decisión posibles [94].

Cada punto de la curva representa un par (1-especificidad). vs sensibilidad. Como ambos parámetros se pueden expresar entre 0 y 1, se entiende que el caso ideal será el dado por el par (0,1), es decir, un 100% de especificidad y un 100% de sensibilidad, respectivamente [95]. Alcanzar este punto implica que, dado un umbral de decisión, todos los sujetos de un grupo diagnóstico están a un lado de ese umbral y todos los sujetos del grupo diagnóstico opuesto están del otro lado. De esta idea se deriva que el umbral óptimo deseado será aquel que se sitúe más próximo al (0,1) (extremo superior izquierdo del gráfico). Este punto tendrá asociado unos determinados valores de sensibilidad, especificidad y precisión que serán un indicador de la exactitud de la prueba [95]. En la Figura 4.3 se puede ver un ejemplo de curva ROC

Los parámetros de sensibilidad, especificidad y precisión asociados al umbral óptimo no siempre expresan adecuadamente la validez diagnóstica global del test que se está evaluando. Hay situaciones en las que un determinado umbral óptimo puede ofrecer muy buenos resultados en términos de sensibilidad, especificidad y precisión, y sin embargo el resto de puntos de la curva ROC estar muy alejados del punto (0,1). Esto supondría que al trasladar el mismo estudio a un grupo de sujetos diferente, probablemente los resultados no fueran los esperados.

Para evitar este problema se emplea otro parámetro relacionado con las curvas ROC: el área bajo la curva ROC (*AROC*). Esta característica expresa la capacidad global de un test diagnóstico en un solo valor [94]. El *AROC* está comprendido entre 0.5 y 1. Si al realizar el cálculo del *AROC* ésta fuera inferior a 0.5, se observaría que la curva está mayoritariamente por debajo de la diagonal del cuadrado sobre el que se representa el gráfico. Llegado este caso, habría que cambiar el criterio de positividad de la prueba [95], de tal forma que los sujetos que antes se consideraban positivos con respecto a la prueba se pasen a considerar negativos y viceversa. Así, al realizar de nuevo la curva, ésta quedará por encima de la diagonal principal, y su área será mayor que 0.5.

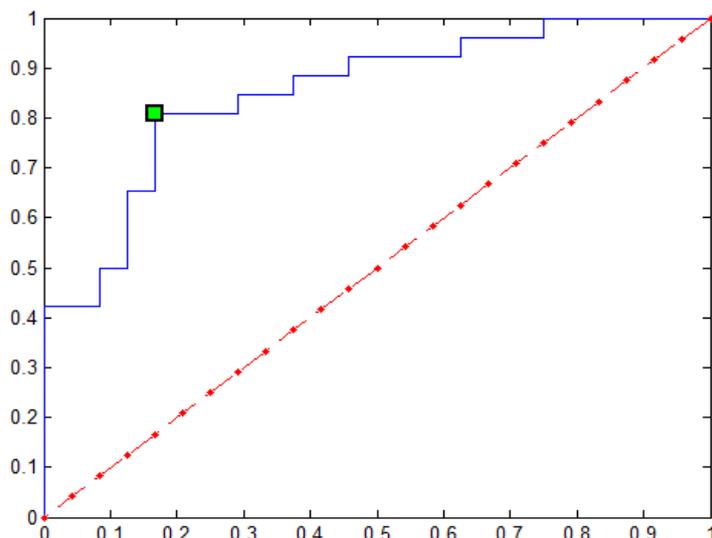


Figura 4.3. Ejemplo de curva ROC. El punto marcado en verde representa el más cercano al caso ideal (0,1). El $AROC$ estará comprendido entre la línea roja y la curva (en azul).

Atendiendo a esa clasificación, un $AROC$ de 0.80, significaría que un individuo escogido al azar del grupo de SAHS negativo, tendría en el 80% de las ocasiones un valor más elevado en la característica evaluada que el de otro escogido al azar del grupo SAHS positivo [94]. Por tanto, el $AROC$ supone una mejor referencia para la generalización de los resultados del estudio que un único umbral óptimo.

4.5.5 Validación cruzada

La validación cruzada es una metodología basada en el entrenamiento y posterior evaluación de los algoritmos aplicados para aumentar la generalización y validez estadística de los resultados. Además, se evitan problemas originados al emplear bases de datos reducidas, como la reclasificación de sujetos y la sobre-estimación de los estadísticos de evaluación de la capacidad diagnóstica, que podrían originar resultados sesgados.

Existen varias técnicas de validación cruzada. Cuando se tiene una base de datos de sujetos lo suficientemente amplia, lo habitual es dividirlos en un grupo de entrenamiento y otro grupo de test. En el grupo de entrenamiento se entrenan los métodos, configurando sus parámetros, y en el grupo de test se validan los resultados usando los parámetros de los métodos obtenidos en la fase de entrenamiento.

No obstante, cuando el número de sujetos que forman la base de datos no es muy amplio, la división en dos subconjuntos más pequeños puede comprometer la validez de los resultados, al no ser ninguno de ellos representativo de las características de la enfermedad. En este caso, existen dos variantes de validación

cruzada ampliamente utilizadas: la validación cruzada dejando uno fuera (*leave-one-out cross-validation*) y la validación cruzada en un subconjunto (*x-fold cross-validation*). El primero de ellos consiste en recalcular el modelo de clasificación con todos los datos de la población (N) menos uno y validar dicho modelo con el elemento descartado. El procedimiento se repite N veces, de forma que en cada paso del algoritmo se deja fuera un sujeto diferente. Finalmente, las métricas de clasificación se obtienen como el valor medio en las N iteraciones. La validación cruzada en un subconjunto no es más que una generalización del procedimiento anterior, de forma que en cada paso el algoritmo se entrena con $x-1$ conjuntos y se valida con el conjunto descartado.

Para realizar una clasificación basada en LDA con validación cruzada dejando uno fuera, en cada iteración del algoritmo hay que ajustar los parámetros w_j y Σ del clasificador asociados con las funciones de densidad condicionadas a cada clase. La máxima probabilidad estimada para ambos parámetros puede ser calculada directamente de los datos de entrenamiento [92]. Además, las probabilidades a priori $P(w_j)$ se pueden obtener como:

$$P(w_j) = \frac{N_j}{N} \quad (4.39)$$

donde N es el número de muestras en el grupo de entrenamiento y N_j es el número de muestras del grupo de entrenamiento pertenecientes a la clase w_j .

Por otro lado, para realizar una clasificación basada en LR mediante validación cruzada dejando uno fuera, en cada vez iteración del hay que estimar los parámetros $\beta = [\beta_0, \beta_1, \dots, \beta_n]$ mediante el procedimiento de *estimación de máxima verosimilitud*. Este procedimiento proporciona una estimación $\hat{\beta}$ de los parámetros del modelo que maximiza la probabilidad de que con ellos se obtengan los valores observados [88,89].

En este TFG se ha utilizado una base de datos formada por 24 sujetos SAHS negativo y 26 sujetos SAHS positivo. Al no ser una base de datos amplia, se ha empleado la técnica de validación cruzada dejando uno fuera.

Capítulo V: APLICACIÓN SOFTWARE

5.1 INTRODUCCIÓN

En este capítulo se detallará el funcionamiento del *software* desarrollado como parte final de este TFG. Su finalidad es la de proveer al usuario de una serie de funcionalidades que faciliten la carga de registros biomédicos, el procesado y la generación y almacenamiento de resultados. Esta herramienta software consta de una serie de menús desplegables y de ventanas de configuración, lo que ayudará al usuario a tener una interacción sencilla e intuitiva con la misma.

El lenguaje de programación utilizado para la creación de la aplicación fue Matlab®, debido a sus facilidades para el procesado de series de datos, representación gráfica y creación de entornos basados en menús. La versión de Matlab® empleada en el desarrollo del software ha sido la 7.14.0.739(R2012a).

En el apartado 5.2 se mostrará la metodología de diseño seguida para el desarrollo de la herramienta, desde las especificaciones funcionales hasta el diseño del interfaz y pruebas de funcionamiento. El apartado 5.3 trata sobre el manual de usuario, donde se detallan todas las funcionalidades proporcionadas por la aplicación. El código programado de las funciones más importantes que componen la herramienta diseñada se recoge en el Apéndice A. En el Apéndice B se indica además tanto el *hardware* como el *software* empleado en su desarrollo.

5.2 METODOLOGÍA DE DESARROLLO

5.2.1 Especificaciones funcionales del sistema

Con el desarrollo de esta aplicación software se buscará integrar las metodologías de procesado de señal presentadas en los capítulos anteriores. Tanto los métodos de procesado de señal descritos en el capítulo *IV* como la necesidad de desarrollar algún tipo de herramienta que disminuya el número de polisomnografías referenciada en el Capítulo *II* o la posibilidad de aprovechar para ello los registros procedentes de la oximetría. A partir de los conocimientos adquiridos se extrajeron una serie de especificaciones funcionales, que formarían la base para el correcto desarrollo de la aplicación. Éstas se explican a continuación:

- En el procesado digital de registros biomédicos es habitual trabajar con gran cantidad de información: series de datos extensas y numerosas. La aplicación debería permitir la carga masiva de registros de forma rápida y sencilla.

- La herramienta debería implementar todas las técnicas de procesado de señal desarrolladas en el Capítulo 4: los momentos estadísticos, las técnicas de análisis espectral, los métodos de análisis no lineal (*CTM*, *SampEn* y *LZC*), y la selección y clasificación de características.
- La configuración de cada uno de los métodos de procesado debería realizarse de forma rápida y sencilla:
 - Momentos estadísticos
 - Selección de la longitud de las tramas
 - Densidad Espectral de Potencia (*PSD*).
 - Selección del tipo de enventanado de la señal.
 - Tamaño de ventana.
 - Solapamiento
 - Número de puntos de la *FFT*.
 - Especificación de los límites de una región de interés sobre la que extraer las características diagnósticas.
 - Medida de la Tendencia Central (*CTM*).
 - Selección de la longitud de las tramas..
 - Selección del radio de cálculo del *CTM*.
 - Complejidad *LZ* (*LZC*).
 - Selección de la longitud de las tramas.
 - Entropía Muestral (*SampEn*).
 - Selección de la longitud de las tramas.
 - Longitud (m).
 - Ventana de tolerancia (r).
- El usuario debe tener constancia en todo momento de la configuración actual de la aplicación.
- Se debe representar los registros de SpO₂ en el dominio del tiempo, así como sus histogramas, para poder analizarlos visualmente.

- Se debe representar de la PSD de los registros de SpO₂, para poder analizar el contenido espectral de los registros.
- La gran cantidad de información y de resultados, tanto finales como intermedios, generados por los diferentes métodos de procesado deberían mostrarse al usuario mediante gráficas y tablas de forma rápida y clara.
- Sería muy útil la posibilidad de extraer de forma independiente cada una de las gráficas representadas en la aplicación.
- El almacenamiento de los resultados debería realizarse siguiendo un formato único para todos los métodos, que proporcione al usuario una presentación útil de los mismos y que permita su extracción para posteriores estudio de forma sencilla.
- La aplicación debería ser resistente a fallos, de manera que no diera problemas por realizar operaciones incorrectas o por introducir caracteres erróneos en los menús editables.

Tras identificar y redactar todas las especificaciones de la futura herramienta, se pasó a analizar el *software* y el equipo *hardware* disponible para llevarlo a cabo.

- El lenguaje de programación seleccionado fue Matlab®, ya que ofrece gran potencia de cálculo para el manejo de elevadas cantidades de datos, como típicamente se caracterizan las aplicaciones de procesado de registros biomédicos, así como la creación, control y gestión de menús y el manejo de representaciones gráficas. La versión utilizada fue la disponible en el equipo asignado para la realización del TFG, la 7.14.0.739(R2012a).
- En cuanto al equipo utilizado para el desarrollo de la aplicación, se dispuso de un Equipo Intel Core 2 Quad CPU con 4 GB de RAM, también disponible en el laboratorio de Ingeniería Biomédica, de la escuela Técnica Superior de Ingenieros de Telecomunicación, de la Universidad de Valladolid.

A partir de todas estas especificaciones, y con el conocimiento del equipo disponible, se pudo realizar un correcto diseño e implementación de la herramienta de ayuda al diagnóstico.

5.2.2 Diseño de la aplicación

5.2.2.1 Identificación de módulos funcionales

La metodología seguida en la programación de la aplicación se basó en la creación de tres módulos o grupos de funciones, de cuya interacción dependería el completo y correcto funcionamiento de la misma. Estos tres módulos surgieron de la agrupación de las especificaciones funcionales y engloban las tres principales utilidades que pretende aportar la herramienta: facilidad en la carga de registros y en la extracción de resultados, configuración y ejecución de los métodos de procesado, e integración en un entorno gráfico. El trabajo realizado en [96] fue en todo momento una guía muy útil sobre la que contrastar las decisiones tomadas en cuanto a definición de funcionalidades y programación de las mismas. A continuación se detalla cada uno de los módulos definidos.

- Módulo de Entrada/Salida. Estaría dividido en dos subniveles que englobarían por un lado las funciones encargadas de la carga de los registros y por el otro las correspondientes al almacenamiento en ficheros de los datos generados.
 - Módulo de carga de registros. Engloba las funciones de carga de registros para su posterior procesado. Como ya se indicaba en una de las especificaciones funcionales, en el procesado digital de señales se suele trabajar con cantidades masivas de registros, con lo que este módulo debe permitir la carga de directorios completos, pero también la carga de registros individuales y pertenecientes a diferentes directorios, así como la eliminación de los mismos. Además, deberá encargarse de la visualización de los registros cargados en las listas habilitadas para ello.
 - Módulo de almacenamiento de resultados. Englobaría las funciones encargadas de copiar los resultados generados por la aplicación, que según las especificaciones deberán ser ficheros con un formato de los datos común a todos los métodos de procesado empleados y que facilite la comprensión y el posterior estudio de los mismos.
- Módulo de procesado. Engloba las funciones correspondientes a la programación de las diferentes técnicas de análisis y al control de generación de resultados. En un nivel inferior se encontrarán las funciones con la programación de los métodos de procesado, que toman los datos de la configuración y devuelven los resultados del análisis.

- Módulo de representación gráfica. Estaría dividido en dos niveles, por un lado un nivel superior de control de gráficos, y por otro un nivel inferior en el que se encontrarían las funciones de representación propiamente dichas.
 - Módulo de control gráfico. Es el encargado de habilitar las opciones adecuadas a la configuración existente en cada momento. Deberá lanzar las ventanas de configuración de cada uno de los métodos, y recoger los datos de la configuración de los mismos. Al ir avanzando en la configuración de la aplicación, deberá ir habilitando las opciones oportunas de los menús desplegables. Este módulo de control será, además, el encargado de ir llamando a las diferentes funciones de representación del nivel inferior.
 - Módulo de representación. Engloba todas las funciones de representación propiamente dichas. Estas toman los datos devueltos por las funciones de procesado y generan las gráficas en los ejes de representación correspondientes.

5.2.2.2 Espacio de trabajo y modos de funcionamiento

A partir de las especificaciones generales y del estudio de la representación de los resultados generados, se procedió a diseñar la interfaz de usuario, cuya versión definitiva es la que se muestra en la Figura 5.1.

En la Figura 5.1 se puede distinguir un espacio central de trabajo, en el que aparecerán las diferentes opciones de visualización gráfica de la información generada en el modo de funcionamiento correspondiente. Las diferentes opciones de visualización gráfica son:

- Lista de archivos correspondientes a los registros de los sujetos sin SAHS y opción de borrado de la misma.
- Lista de archivos correspondientes a los registros de los enfermos y opción de borrado de la misma.
- Ejes de representación de la evolución temporal de los registros.
- Ejes de representación de los histogramas de los registros
- Ejes de representación de la PSD de los registros
- Ejes de representación de la curva ROC de clasificación diagnóstica
- Tabla de visualización de los resultados estadísticos.

En la Figura 5.1 se puede observar en la parte superior del entorno de trabajo los menús principales de los que consta la aplicación, cuyos submenús se desarrollan a continuación:

- Archivo
 - Cargar control
 - Cargar enfermo
 - Cargar el directorio de controles
 - Cargar el directorio de enfermos
 - Guardar los resultados
 - Salir
- Métodos
 - Configurar métodos
 - Calcular métodos
- ROC Características individuales
 - $M1t$
 - $M2t$
 - $M3t$
 - $M4t$
 - $M1f$
 - $M2f$
 - $M3f$
 - $M4f$
 - PA
 - Pt
 - Pr
 - CTM
 - $SampEn$
 - LZC

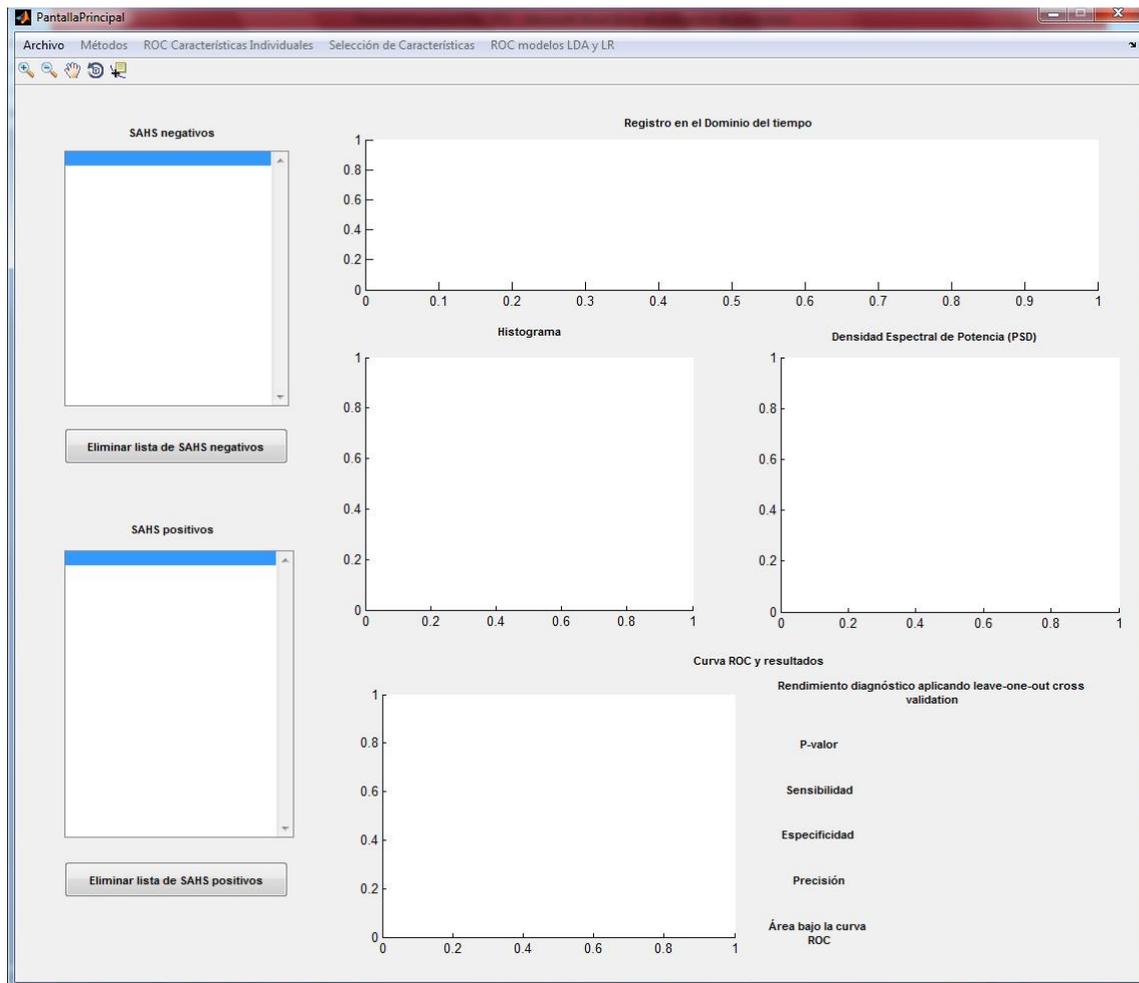


Figura 5.1.. Aspecto general de la aplicación

- Selección de características
 - Características del modelo LDA
 - Características del modelo LR
- ROC modelos LDA y LR
 - Análisis Discriminante Lineal (LDA)
 - Regresión Logística (RL)

Todas estas opciones incluidas en los menús están relacionadas entre sí, y se van habilitando y deshabilitando dependiendo del punto de procesado en el que se encuentre la aplicación. De forma general, inicialmente todas las opciones de procesado, representación y almacenamiento de resultados aparecen deshabilitadas, excepto la de cargar registros, y se van habilitando según se van cargando los registros, seleccionando una configuración y generando resultados. Aunque el usuario tiene cierta libertad a la hora de configurar los métodos de procesado o

cargar los registros, existe un orden preestablecido en la programación que debe seguirse para que se vayan habilitando correctamente las opciones necesarias en cada momento. La secuencia se muestra en la Figura 5.2.

En primer lugar se realiza la carga de los registros. Tras la carga de archivos se visualizan automáticamente la evolución temporal, el histograma y la PSD de los registros. Los listados del espacio de trabajo permiten seleccionar un registro cargado para visualizar su evolución temporal, su histograma y su PSD. A continuación, se configuran los parámetros de los métodos de procesado de señal para la extracción de las características individuales y una vez se hayan configurado, se procede al cálculo de los métodos de procesado.

Una vez procesados los registros cargados es posible seleccionar las características de los modelos LDA y LR. Finalmente, se visualizan los resultados obtenidos con las diferentes características individuales y modelos LDA y LR, y el usuario podrá proceder a su almacenamiento.

5.2.2.3 Representación de datos

La fase de diseño de la interfaz de usuario, la correcta representación de la información y el aprovechamiento del espacio disponible para este propósito, han sido aspectos a los que se ha dedicado parte importante del tiempo invertido en el desarrollo del proyecto. La representación de los datos de una forma adecuada constituía una de las especificaciones funcionales más importantes, y además iba a determinar el aspecto final de la aplicación. Esta debería realizarse de forma clara y sencilla para el usuario. Sin embargo, la gran cantidad de información generada por los diferentes métodos dificultaba la representación de la misma.

La generación de información susceptible de ser representada comienza antes de la aplicación de cualquiera de los métodos de procesado, con la visualización de los registros cargados por el usuario. Desde un punto de vista médico, puede ser muy útil la visualización en el tiempo de los registros de un determinado paciente, para poder contrastar los resultados obtenidos con los diferentes métodos. Además, la visualización del histograma de un registro junto con los histogramas promedio para ambos grupos de población puede dar idea de cómo es el registro de un sujeto en particular, y la representación de la PSD puede dar idea de la distribución de potencia en el dominio de la frecuencia, con especial atención a la banda de interés.

En cuanto a la información a representar generada por los métodos de procesado, se representan las curvas ROC que son una forma gráfica de evaluación de test diagnósticos. Además de las representaciones gráficas, también se generan estadísticas y datos numéricos que podrían ser representados en tablas.

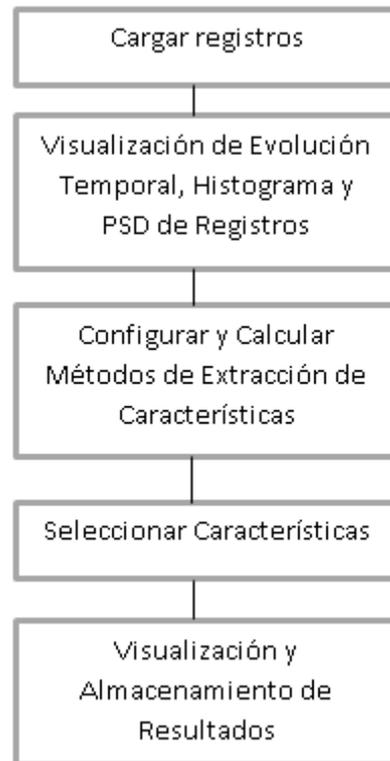


Figura 5.2. Secuencia de funcionamiento de la aplicación

5.2.2.4 Programación de las especificaciones. Integración en la aplicación

La programación de los diferentes módulos se realizó de forma independiente, para finalmente integrar cada uno de ellos en el interfaz de usuario. Para facilitar la interacción entre los diferentes módulos, haciendo que tanto los datos de la configuración como los generados por los métodos de procesado fueran accesibles en todo momento, se crearon una serie de estructuras de datos y de variables globales que facilitasen estas tareas.

Las primeras funciones programadas fueron las correspondientes al módulo de procesado. En segundo lugar se procedió a la programación de las funciones de representación gráfica y posteriormente la de carga de registros. Durante todo este proceso comenzaron a definirse una serie de funciones y variables necesarias para la interacción entre las funciones de los diferentes módulos.

Simultáneamente a la programación de las diferentes funciones, se fue diseñando una metodología de pruebas de las mismas, que hacían que el proceso de programación fuera en cierta medida un proceso de realimentación. De las diferentes pruebas surgían aspectos que no se habían tenido en cuenta y que en ese momento se mostraban necesarios, o surgían nuevas ideas o funcionalidades a integrar en la aplicación.

5.2.2.5 Pruebas de funcionamiento de la herramienta

Las pruebas realizadas para comprobar el funcionamiento de la aplicación se realizaron en un primer momento sobre los módulos de forma individual

- Pruebas de entrada/salida de datos.
 - Carga de registros desde ficheros.
 - Introducción de datos de configuración.
 - Generación de ficheros de resultados con el formato de datos adecuado.
- Pruebas de los métodos de procesado.
 - Control de los resultados proporcionados por los métodos de extracción de características individuales
 - Control de los resultados proporcionados por los clasificadores LDA y LR.
- Pruebas de generación gráfica
 - Visualización y control de las gráficas generadas por las funciones de representación gráfica de resultados

Todas estas pruebas se realizaron directamente con registros de datos reales, para comprobar de forma directa que los resultados obtenidos estaban dentro de los rangos esperados, que las gráficas tenían las formas habituales y que los ficheros de resultados tenían el formato adecuado a los datos que iban a contener.

Finalmente, tras la integración de todos los módulos y funciones en el interfaz de usuario, se procedió a realizar pruebas basadas en el funcionamiento real de la aplicación para cada uno de los modos de funcionamiento de la misma, siguiendo la evolución natural marcada por el diagrama de la Figura 5.2. Estas pruebas fueron las más importantes y por ello las más intensivas, pues ya se evaluaba el funcionamiento global de la herramienta.

Se trató de llevar a la herramienta a todas las situaciones posibles a las que podría llegar mediante un funcionamiento normal de la misma, para comprobar el correcto funcionamiento de todas y cada una de las opciones implementadas. También se trató de corregir todos aquellos aspectos pasados por alto en el desarrollo de las especificaciones funcionales y posterior programación que podían llevar a la aplicación a estados de error. Como ya se comentó en el apartado anterior, este proceso de test se realizó simultáneamente con la última parte de la programación, de forma que ambos formaban un proceso de realimentación.

5.2.2.6 Evaluación del funcionamiento final de la herramienta.

A continuación, se realiza una revisión de los requisitos iniciales de la aplicación y se trata de evaluar de una forma objetiva en qué medida se han cumplido, una vez concluida la programación y puesta a prueba la herramienta.

- Carga masiva de datos de forma rápida y sencilla: existe un submenú de carga de registros que permite el movimiento a través de directorios en busca de archivos, la carga de directorios completos o la selección de ficheros de diferentes directorios.
- Implementación de las técnicas de procesado de señal propuestas en el Capítulo 4: se han programado las funciones necesarias para la implementación de los momentos estadísticos, del análisis espectral (PSD) de las técnicas no lineales (*SampEn*, *CTM* y *LZC*), y los clasificadores LDA y LR.
- Configuración de los métodos de procesado de forma rápida y sencilla: a través de uno de los menús principales de la aplicación se lanza una ventana con las opciones de configuración de cada uno de los métodos.
- Representación individual de los registros de oximetría: se han habilitado unos ejes para la representación de la evolución en el tiempo de los registros de SpO₂ de cada sujeto seleccionado, otros ejes para la representación del histograma del registro seleccionado junto con el histograma promedio para cada grupo de población y otros ejes para la representación de la PSD del registro seleccionado junto con la PSD promedio para cada grupo de población
- Representación de la información generada por los métodos de procesado: se han habilitado unos ejes para la representación de la curva ROC correspondiente al método de procesado seleccionado y una tabla con los resultados diagnósticos del método seleccionado. De este modo se representa la información más importante de forma clara y sencilla.
- Extracción de información útil: la aplicación permite el almacenamiento de los datos numéricos generados por los diferentes métodos así como de los resultados diagnósticos en ficheros de *Microsoft Excel*® (extensión *.xlsx*), apropiados para un posterior análisis adicional o para la realización de tablas de forma sencilla y rápida.

- Resistencia a fallos: las funciones de control de la aplicación habilitan o deshabilitan las opciones adecuadas en cada momento de acuerdo con el estado de la configuración actual, para impedir al usuario la realización de operaciones que podrían inducir a error y llegar a hacer que la aplicación dejase de funcionar. Como medida de prevención, las ventanas de configuración se lanzan con todos los campos rellenos con datos que puedan servir de ejemplo y orientar al usuario. Además, cuando es posible, se limita al usuario a seleccionar una opción dentro de una serie de datos prefijados, de manera que se evita la introducción de un dato erróneo.

Es posible concluir tras este análisis del funcionamiento de la aplicación, que se ha desarrollado una herramienta acorde con las especificaciones iniciales, y que las pruebas realizadas para comprobar el correcto funcionamiento de la aplicación han sido numerosas, tratando de llevar a la herramienta a situaciones límite y forzando la capacidad del *software* y de *hardware* empleado. Por lo tanto, se espera que se comporte de forma satisfactoria, aunque será la utilización continuada de la misma la que demuestre el valor de las utilidades que proporciona y si éstas verdaderamente no llevan en ningún momento a situaciones de error.

5.3 MANUAL DE USUARIO

Durante este apartado se describirá el funcionamiento de la herramienta software implementada a nivel de usuario, de forma que cualquier persona sea capaz de familiarizarse rápidamente con ella. Con este propósito, se van describiendo cada uno de los pasos del uso de la aplicación.

5.3.1 Inicio de la aplicación

Ala hora de iniciar la aplicación, el usuario debe ejecutar el comando *MenuGUI* desde la línea de comandos de Matlab®, que lanza la ventana de inicio de la Figura 5.3. En esta ventana de presentación se indica el proyecto en que se enmarca el desarrollo de la aplicación, así como la entidad, proyectando y tutores que han intervenido en su elaboración.

En la parte inferior de la ventana se pueden ver dos botones. El de la izquierda ofrece la opción de cargar la aplicación y mostrar el interfaz de usuario de la Figura 5.1, y el de la derecha permite abandonar el proceso. Al pulsar el botón de la izquierda aparece la ventana de selección de archivos y directorios de Windows, como se puede ver en la Figura 5.4, en la que se da la posibilidad al usuario de elegir el directorio de trabajo para la sesión actual.

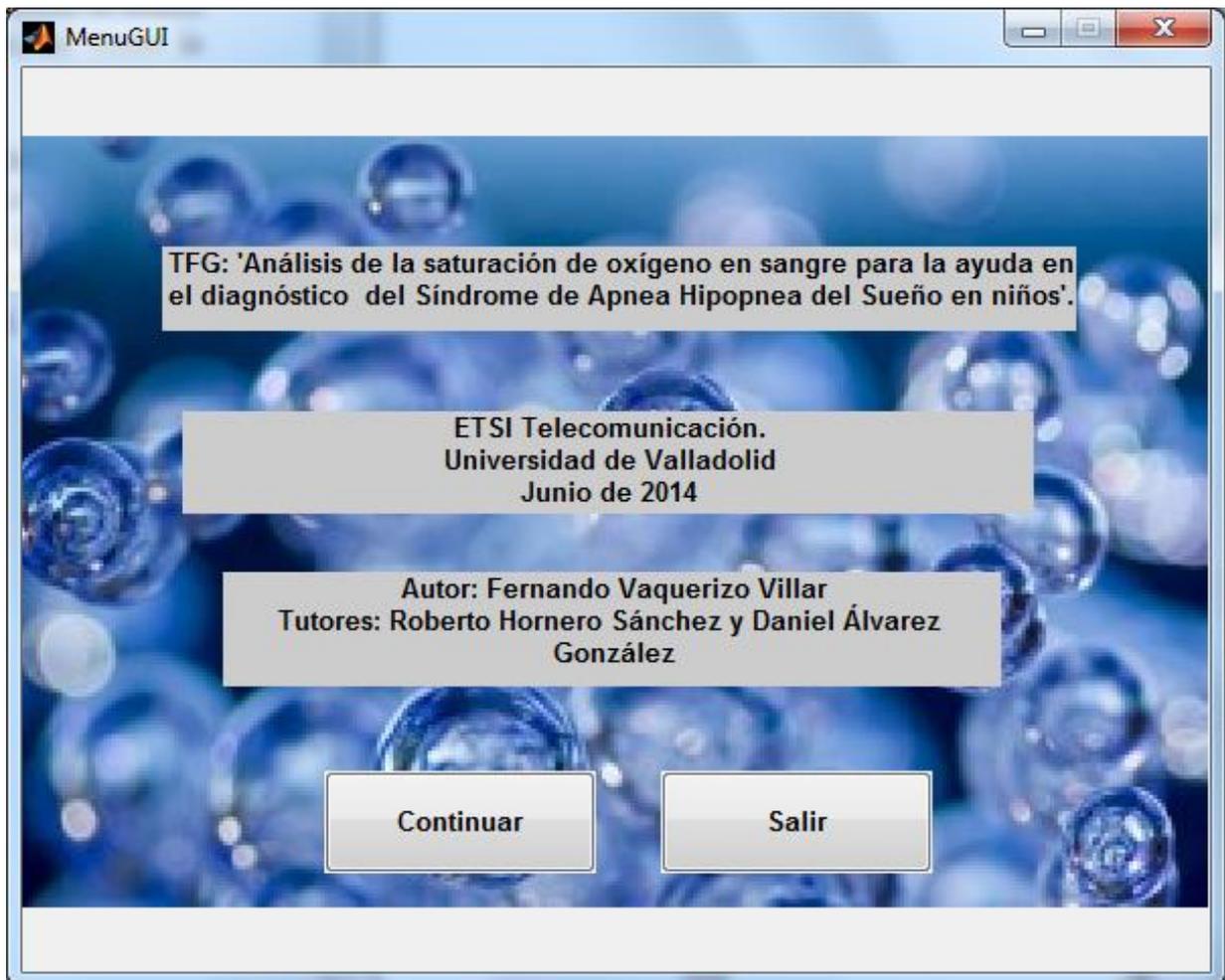


Figura 5.3. Ventana de inicio de la aplicación

Una vez el usuario esté en el entorno de trabajo de la Figura 5.1, si desea salir debe desplegar el menú archivo y dar a la opción *Salir* como se puede ver en la Figura 5.5

5.3.2 Carga de registros

La carga de registros es la primera acción a realizar dentro del espacio de trabajo de la aplicación. Para cargar las señales, se debe desplegar el menú *archivo* de la Figura 5.5. En este menú se ofrece la posibilidad de realizar la carga de registros de maneras distintas. Se ofrece la posibilidad de cargar un sujeto perteneciente al grupo de controles o al de enfermos y la posibilidad de cargar todos los registros contenidos en un directorio pertenecientes al grupo de controles o al de enfermos. Al pulsar en las opciones *cargar control* o *cargar enfermo* aparece la ventana de la Figura 5.6 en la que se pide al usuario que seleccione el registro que quiere cargar. Tras la carga del registro, aparecerá el nombre del registro cargado en la lista de registros de SAHS negativos o SAHS positivos según el tipo de sujeto que se haya cargado, como se puede ver en la Figura 5.7.

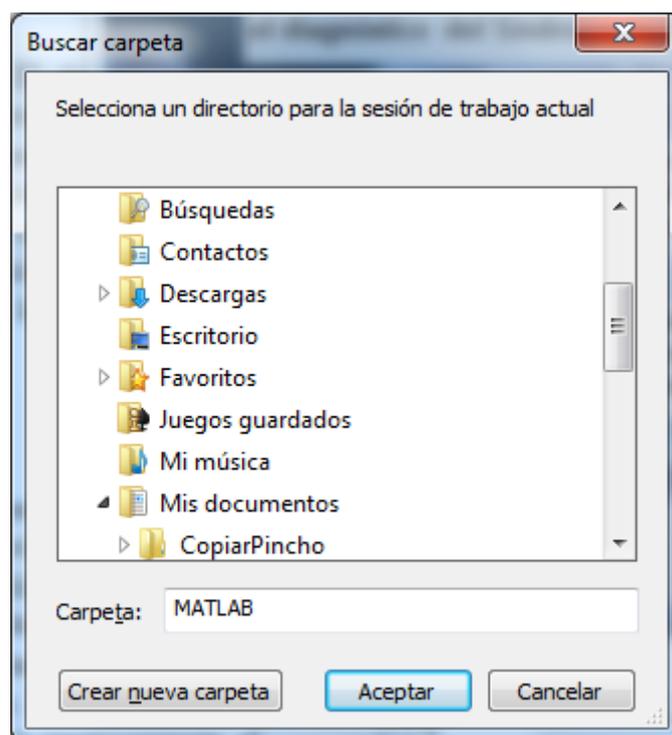


Figura 5.4. Ventana de selección del directorio de trabajo.

Cuando se pulsen las opciones *Cargar el directorio de controles* o *Cargar el directorio de enfermos* aparecerán las ventanas de selección de directorios de las Figuras 5.8 y 5.9 respectivamente, en las que se pedirá al usuario que elija el directorio con el grupo de registros a cargar. Durante las operaciones de carga de directorios, el usuario será informado de la evolución de la misma con un mensaje encima de la lista del grupo de SAHS negativos o SAHS positivos y se irán mostrando en la lista de registros aquellos que ya hayan sido cargados como se puede ver en la Figura 5.10 para el caso de registros pertenecientes al grupo SAHS negativo; para el grupo SAHS positivo sería análogo. Una vez estén todos los registros cargados se podrían visualizar todos en las listas de registros, como se puede observar en la Figura 5.11.

Una vez cargados los registros, se le da al usuario la posibilidad de eliminar todos los registros de la lista de controles o la lista de enfermos, mediante los botones *eliminar lista de controles* y *eliminar lista de enfermos*, como se puede ver en la Figura 5.11. Al pulsar en el botón de eliminar lista de controles o eliminar lista de enfermos se le advertirá al usuario de que si les elimina se borrarán todos los resultados y la configuración de los métodos de procesado, como se puede ver en la Figura 5.12 para el caso de SAHS negativos.

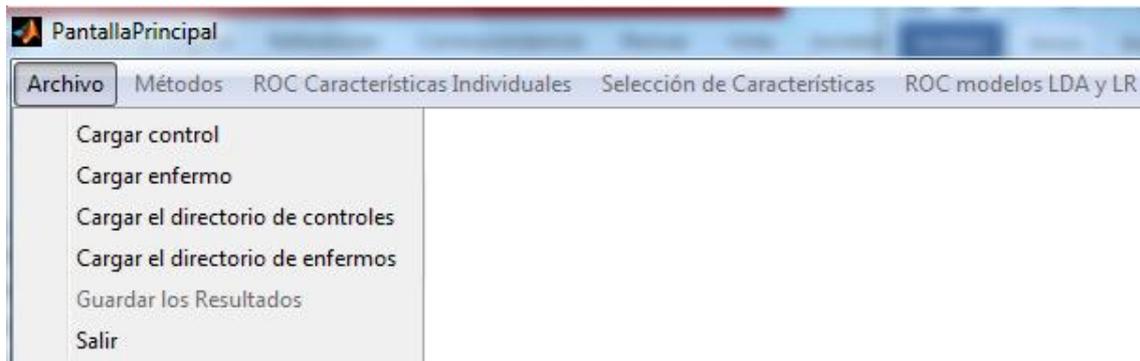


Figura 5.5. Menú Archivo

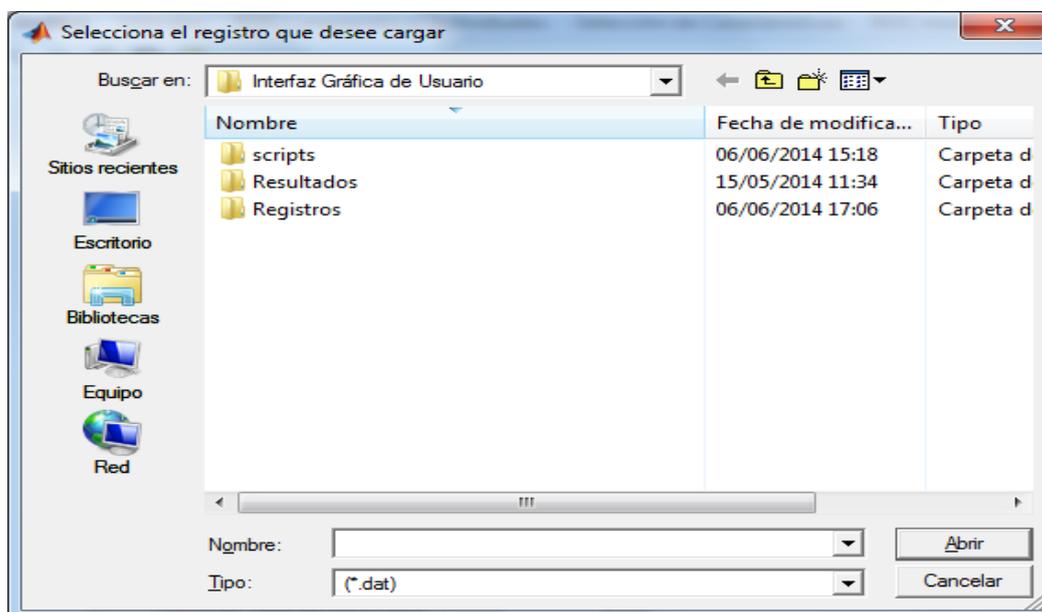


Figura 5.6. Ventana de selección del registro a cargar.

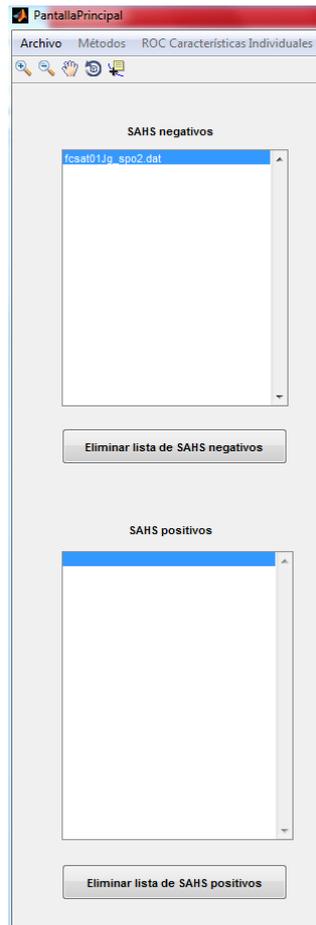


Figura 5.7. Ventana con el registro cargado.

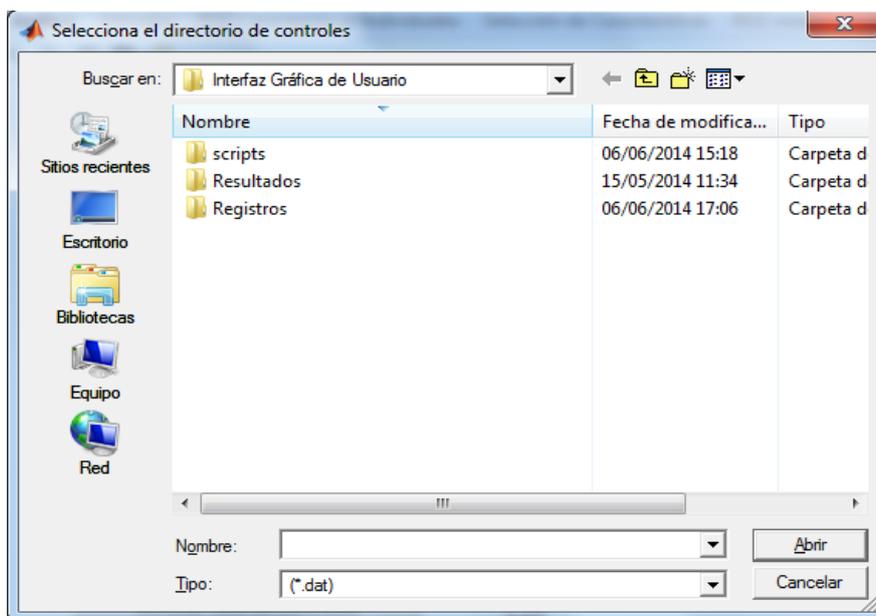


Figura 5.8. Ventana de selección del directorio de controles

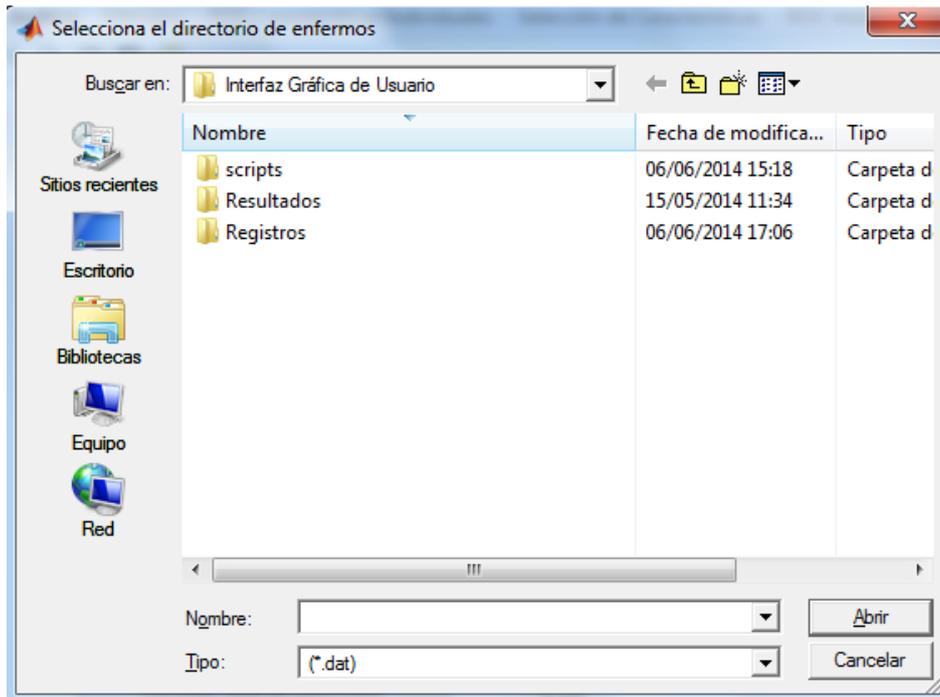


Figura 5.9. Ventana de selección del directorio de enfermos

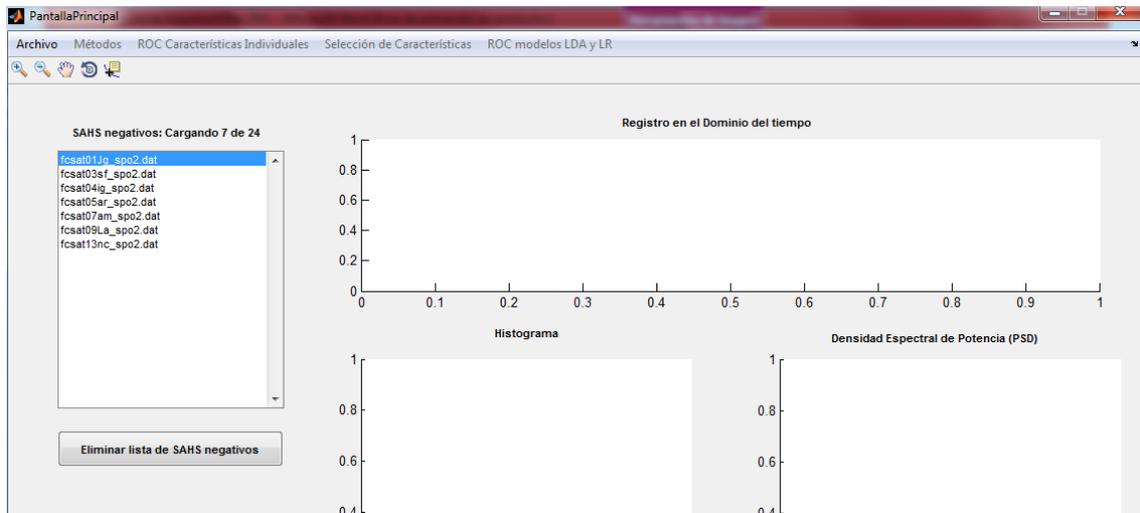


Figura 5.10. Proceso de la carga del directorio de registros SAHS negativos

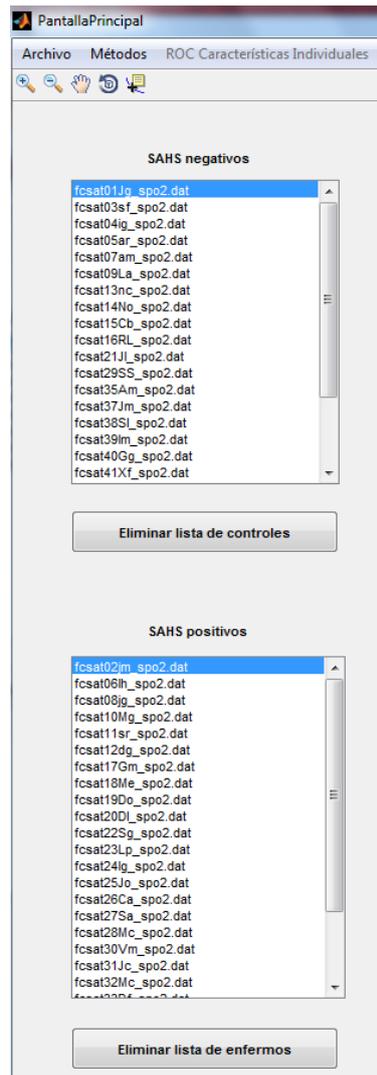


Figura 5.11. Registros cargados

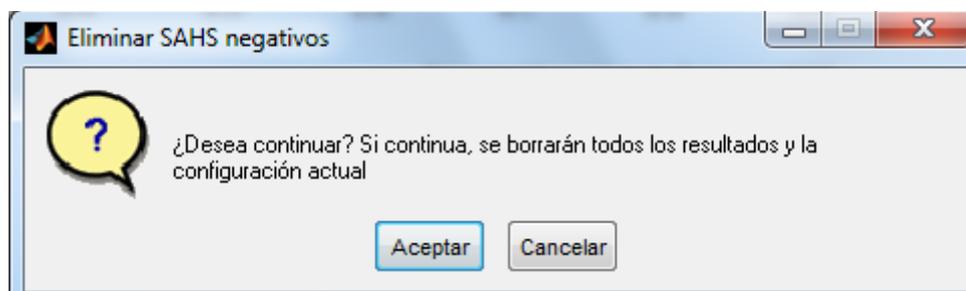


Figura 5.12. Ventana eliminar registros

5.3.3 Evolución temporal, histograma y PSD de los registros

Tras la carga de registros, si el usuario hace clic con el cursor en un elemento de la lista de registros de SAHS negativos o SAHS positivos, se representarán la evolución del registro seleccionado en el tiempo, el histograma del registro junto con los histogramas promediados correspondientes a ambos grupos de población y la PSD del registro junto con las PSD promedio de los grupos SAHS negativo y SAHS positivo en los ejes habilitados para ello, como se puede observar en la Figura 5.13. Encima de cada una de las gráficas aparecerá el título junto con el nombre del registro que se está representando.

5.3.4 Configuración y cálculo de los métodos de extracción de características

Tras la carga y la visualización de la evolución en el tiempo, el histograma y la PSD de los registros, el siguiente paso es la configuración de los métodos de extracción de características. El acceso a la configuración de los métodos se hace a través del menú desplegable *Métodos* en la opción configurar métodos, como se puede ver en la Figura 5.14. Al pulsar el usuario en la opción *Configurar Métodos* aparecerá la ventana de configuración de métodos, a través de la cual el usuario podrá introducir los parámetros de cada método, como se puede ver en la Figura 5.15.

A continuación, se hará un breve recordatorio del significado de cada uno de estos parámetros. Para obtener mayor información basta consultar el Capítulo IV, donde se estudiaba en profundidad cada uno de estos métodos de procesado.

- Momentos estadísticos.
 - Longitud de las tramas: longitud de los segmentos, medida en número de muestras, en que se divide cada registro a la hora de calcular los momentos estadísticos
- Densidad Espectral de Potencia (*PSD*).
 - Tipo de ventana: permite seleccionar la forma de la ventana a aplicar sobre cada sección de datos.
 - Tamaño de ventana: longitud de la ventana utilizada en la división en segmentos de los registros originales, necesaria para el cálculo de la *PSD*.
 - Número de puntos de la *FFT*: recoge el número de puntos de cálculo de la *FFT* de cada segmento de datos.

- Límite inferior: permite especificar el límite inferior de la región de interés en la que se calcularán los parámetros extraídos de la *PSD*.
- Límite superior: permite especificar el límite superior de la región de interés en la que se calcularán los parámetros extraídos de la *STFT*.
- Medida de la Tendencia Central (*CTM*).
 - Longitud de las tramas: longitud de los segmentos, medida en número de muestras, en que se divide cada registro para calcular el *CTM*.
 - Radio: radio de la circunferencia centrada en el origen que limita la región de recuento de puntos en los diagramas de diferencias de segundo orden necesarios para el cálculo del *CTM*.
- Complejidad LZ (*LZC*).
 - Longitud de las tramas: longitud de los segmentos, medida en número de muestras, en que se divide cada registro para calcular el *LZC*
- Entropía Muestral (*SampEn*).
 - Longitud de las tramas: longitud de los segmentos, medida en número de muestras, en que se divide cada registro para calcular la *SampEn*.
 - Longitud (m): longitud, medida en número de muestras, de la ventana de comparación que utiliza el algoritmo en busca de patrones similares.
 - Ventana de tolerancia (r): representa con que margen de error dos patrones de longitud m son considerados similares.

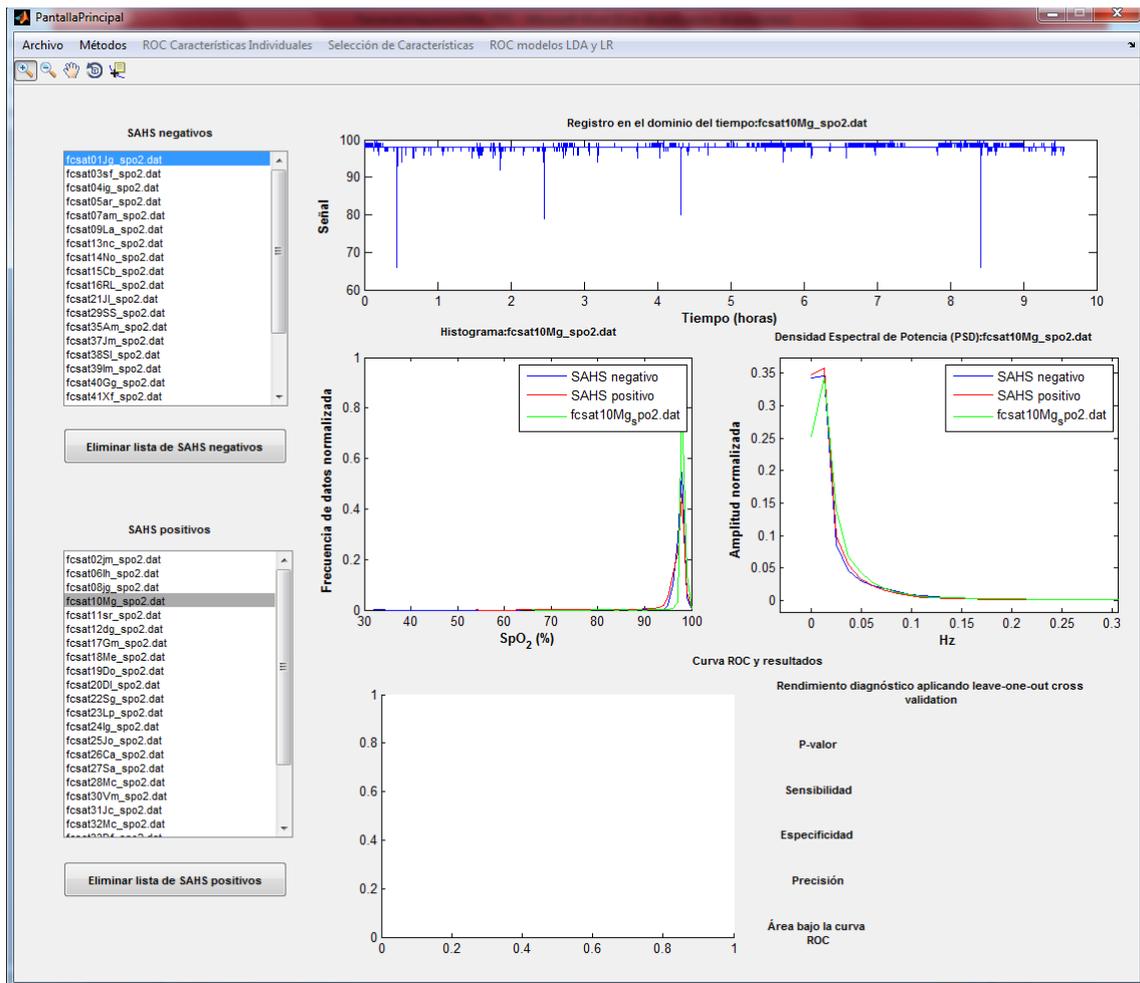


Figura 5.13. Evolución temporal, histograma y PSD

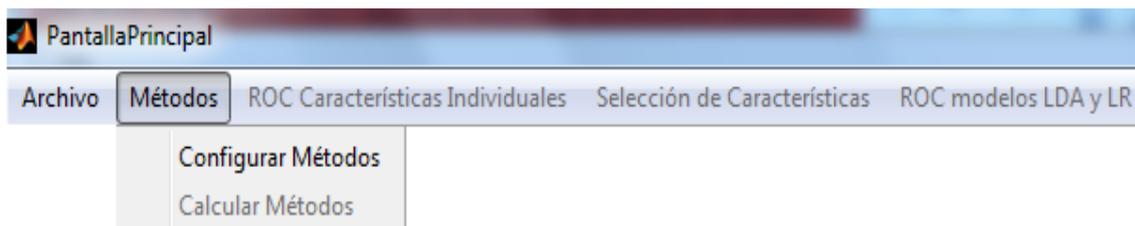


Figura 5.14. Menú métodos

Configuracion_Metodos

Momentos estadísticos

Tamaño de segmento: 6000

Análisis en frecuencia

Tipo de Ventana: Hamming

Tamaño de ventana: 6000

Número de puntos de la DFT: 8192

Banda de interés (entre 0 y 50 Hz)

Frecuencia inicial: 0.03

Frecuencia final: 0.15

Análisis no lineal

Medida de la Tendencia Central (CTM)

Radio: 2

Tamaño de segmento: 6000

Complejidad de Lempel Ziv (LZC)

Tamaño de segmento: 6000

Entropía Muestral (SampEn)

Tamaño de segmento: 6000

m: 1

r: 0.25

Aceptar Cargar valores por defecto Cancelar

Figura 5.15. Configuración de métodos

Una vez se han configurado los métodos de extracción de características se procede a su cálculo. Para ello se selecciona la opción *Calcular métodos* del menú *métodos* de la Figura 5.14, que ya estará habilitada dado que los métodos ya se han configurado. Durante las operaciones de *Cálculo de métodos*, el usuario será informado de la evolución del proceso mediante una barra de estado como la que se muestra en la Figura 5.16. Esta, barra de estado desaparecerá al término del cálculo de los métodos.

5.3.5 Selección de características

El siguiente paso en el diagrama de secuencia una vez calculados los parámetros individuales es elegir las características a incluir en los clasificadores LDA y LR. El acceso a la selección de características se hace a través del menú *Selección de*

Características. Como se puede ver en la figura 5.17, hay dos opciones: *Características del modelo LDA* y *Características del modelo LR* en los que se eligen las características que van a formar parte de los clasificadores LDA y LR. Al pulsar en las dos opciones aparecen las ventanas 5.18 y 5.19 respectivamente, en las que se seleccionarán aquellos parámetros individuales que se quieran incluir en cada clasificador. Estos parámetros individuales son los parámetros obtenidos tras el cálculo de los métodos de extracción de características que el usuario debe realizar de forma externa a esta herramienta.

5.3.6 Visualización de los resultados

Tras calcularse los métodos de extracción de características y configurarse los métodos de selección de características, se pueden visualizar los resultados obtenidos con los distintos métodos de procesado.

Para visualizar los resultados de la extracción de características se despliega el menú *ROC Características Individuales*, que se puede observar en la Figura 5.20. En este menú se ofrece al usuario la posibilidad de seleccionar el parámetro para el que desee representar su curva ROC y calcular los parámetros de rendimiento diagnóstico mediante el empleo de validación cruzada dejando uno fuera. Una vez el usuario ha seleccionado una característica, se representará en la gráfica inferior del espacio de trabajo la curva ROC correspondiente a la característica seleccionada y aparecerán en una tabla los resultados de la capacidad diagnóstica correspondientes al parámetro como se puede observar en la Figura 5.21.

Para visualizar los resultados correspondientes a los clasificadores LDA y LR se despliega el menú *ROC modelos LDA y LR*, que se puede observar en la Figura 5.22. En este menú se pide al usuario que seleccione el modelo para el que desee visualizar su curva ROC y los parámetros de rendimiento diagnóstico mediante el empleo de validación cruzada dejando uno fuera. Una vez el usuario ha seleccionado el modelo, se representará en el espacio de trabajo la curva ROC del modelo y los resultados de la capacidad diagnóstica, como se puede observar en la Figura 5.23.

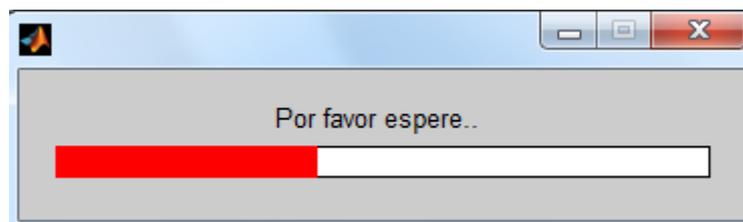


Figura 5.16. Barra de estado

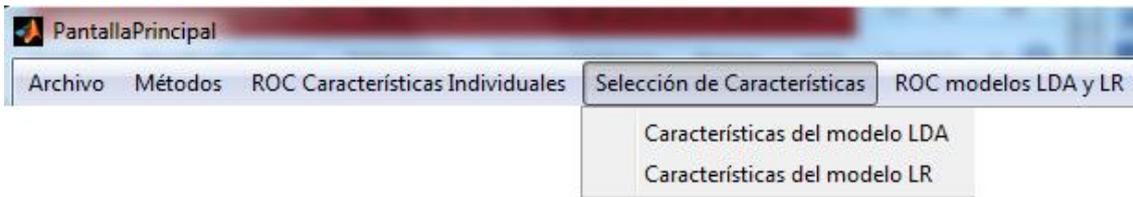


Figura 5.17. Menú Selección de Características

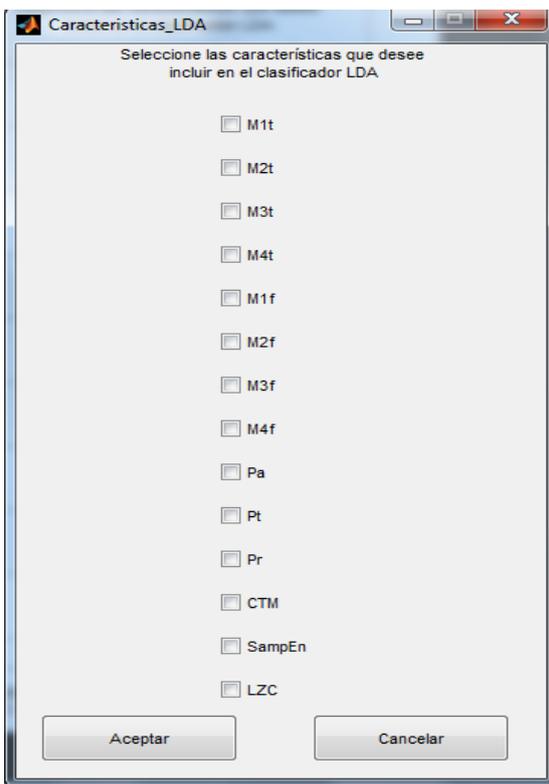


Figura 5.18. Selección de características del modelo LDA

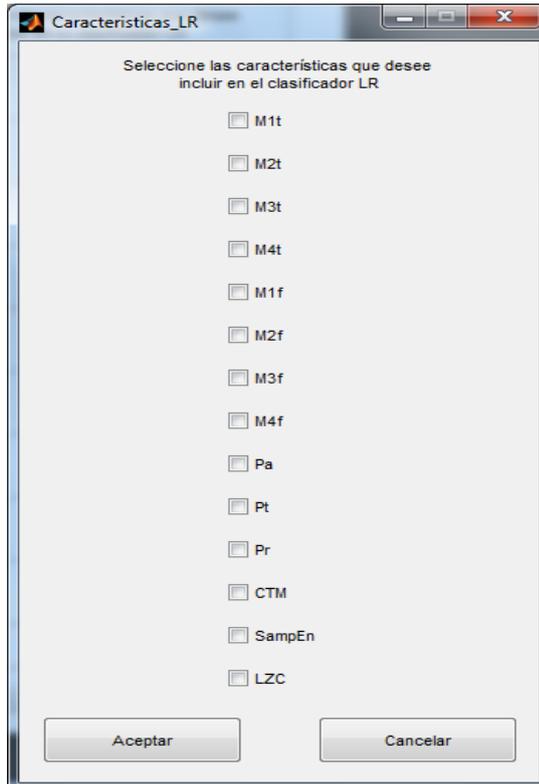


Figura 5.19. Selección de características del modelo LR

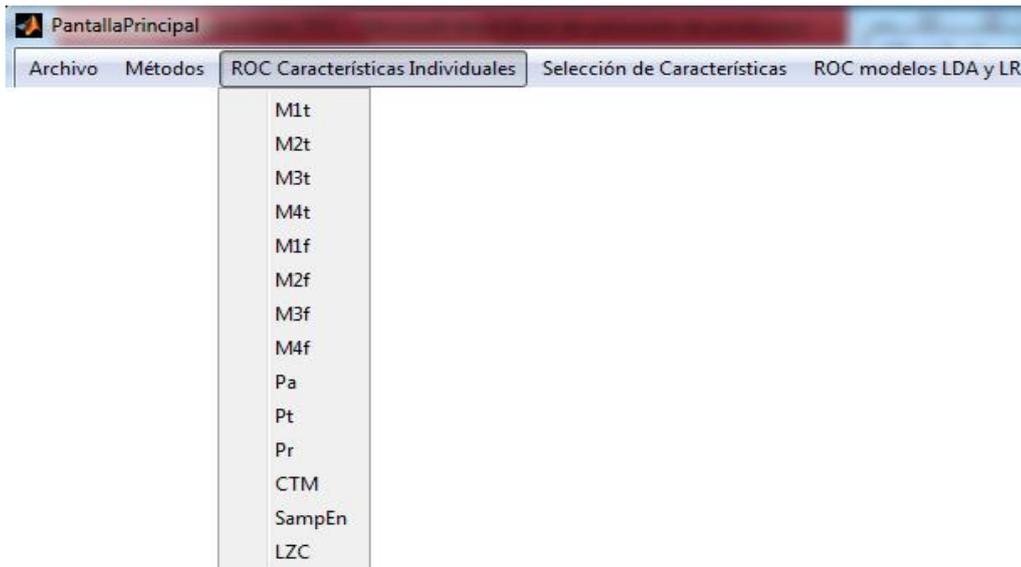


Figura 5.20. Menú ROC Características Individuales

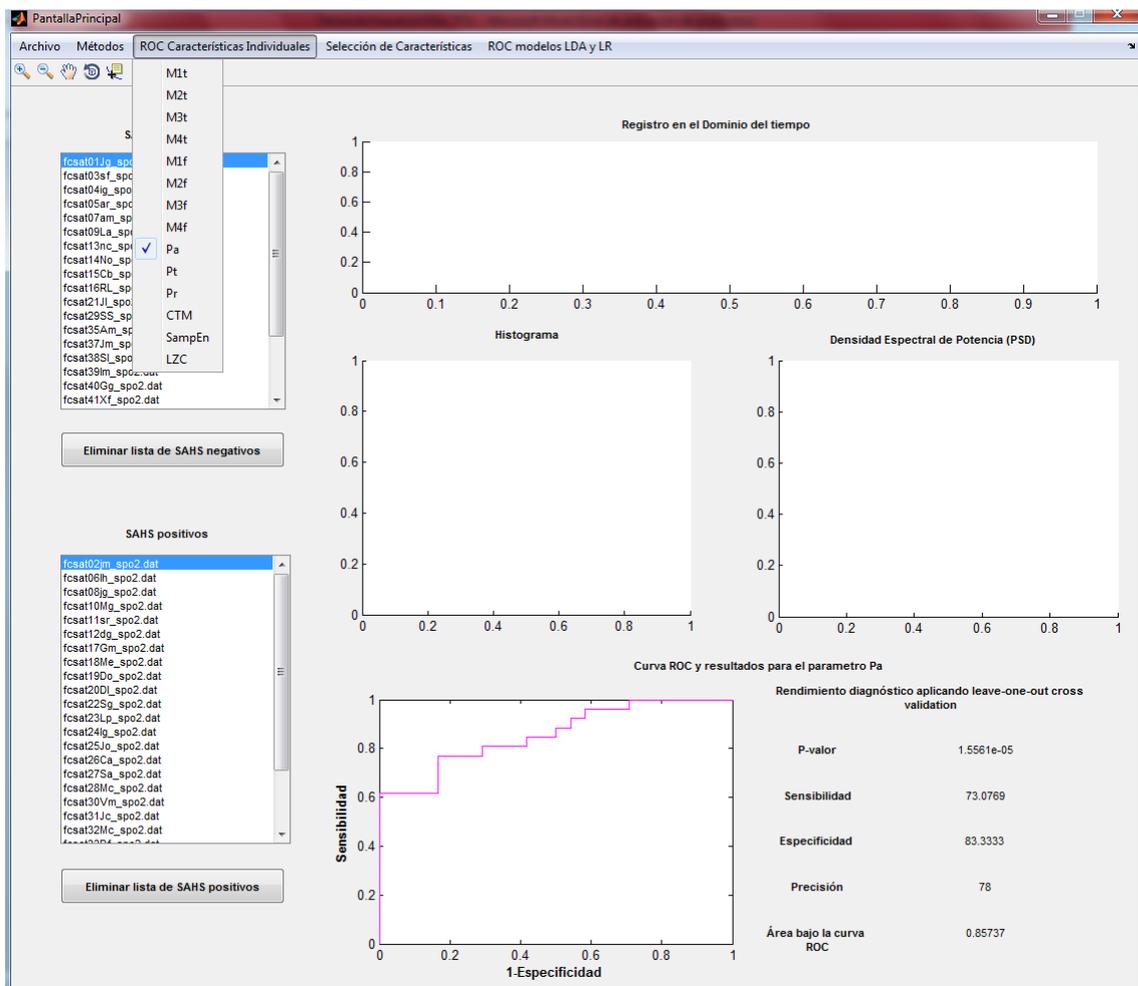


Figura 5.21. Representación de los resultados del parámetro seleccionado

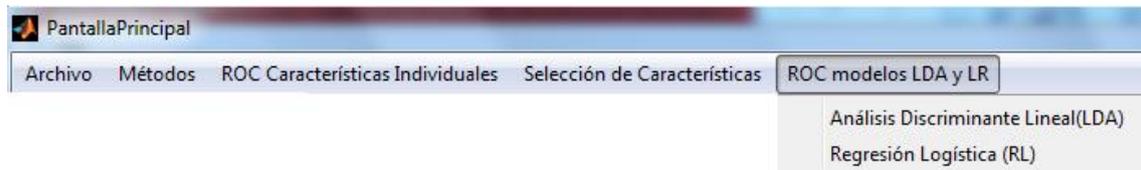


Figura 5.22. Menú ROC Modelos LDA y LR

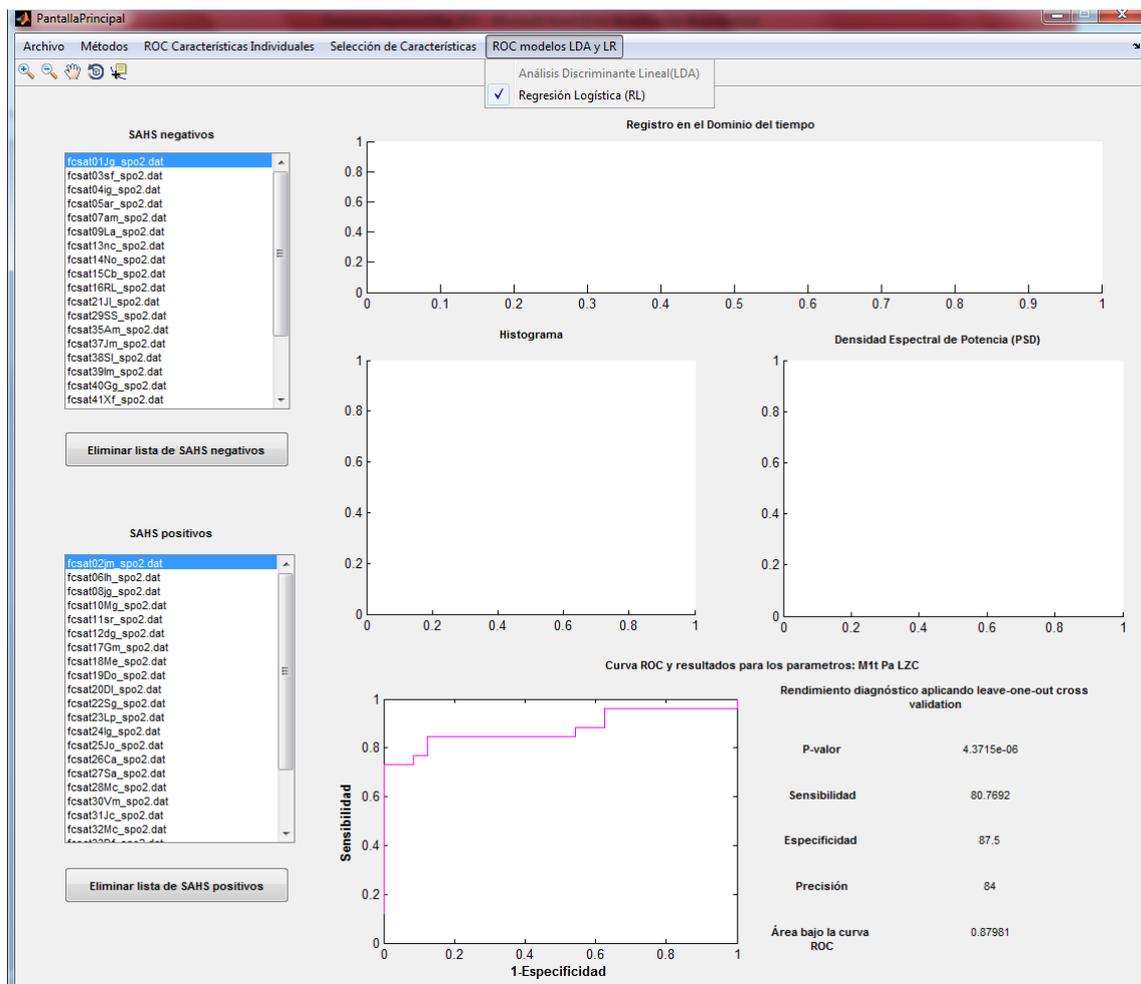


Figura 5.23. Representación de los resultados del clasificador seleccionado

5.3.7 Almacenamiento de resultados

Con el desarrollo de esta herramienta no se buscaba solamente automatizar la carga, procesamiento de registros biomédicos y presentación de resultados, sino también que estos resultados pudiesen extraerse y almacenarse de forma útil. Para ello en el menú *Archivo* se habilitará la opción *Guardar Resultados* en el momento en que se hayan calculado todos los métodos de procesado, tanto los de extracción de características

como los clasificadores LDA y LR con las características seleccionadas. Esto se puede observar en la Figura 5.24.

Al seleccionar esta opción, se lanzará una ventana de exploración de directorios para que el usuario indique a la aplicación donde guardar el archivo y con qué nombre, como se puede observar en la Figura 5.25 La extensión será *.xls* o *.xlsx*, que se corresponde con una hoja de Microsoft Excel®. Se ha seleccionado esta aplicación porque ofrece una gran cantidad de funcionalidades muy útiles en cuanto a extracción de datos, creación de tablas, gráficas, estadísticas, etc. Los datos se almacenarán en estos archivos siguiendo un formato que facilite la presentación y estudio de los mismos.

En la primera parte del fichero se informa del número de sujetos de cada grupo de población incluidos en el estudio y de las variables seleccionadas en los modelos LDA y LR. Posteriormente, aparecerán el nombre de los registros analizados y los valores de los parámetros extraídos de ellos mediante los métodos de procesado. Por último se encuentran las métricas de rendimiento diagnóstico correspondientes a cada método de procesado, que serán el *p-valor* del test de Mann-Whitney, la sensibilidad, la especificidad, la precisión y el área bajo la curva ROC. En las Figuras 5.26-5.28 se muestra un ejemplo de archivo de Microsoft Excel® generado para 50 sujetos, 24 SAHS negativo y 26 SAHS positivo. Se han incluido en el modelo LDA las variables *MIt* y *PA*, y en el modelo LR las variables incluidas han sido *MIt*, *PA* y *LZC*.

5.3.8 Resistencia frente a errores

Una de las posibles fuentes de error a las que se enfrenta la aplicación es la introducción por parte del usuario de datos erróneos durante la configuración. Esto es debido a que aquellos parámetros que deben ser introducidos por medio de textos editables, pueden contener caracteres no numéricos e impedir el procesado de los datos.

Para evitar esto, se ha tratado, en la medida de lo posible, de evitar el uso de este tipo de textos, proporcionado simplemente una serie de opciones entre las que deberá elegir el usuario. Cuando la utilización de textos editables sea inevitable, la aplicación cargará las ventanas de configuración con valores por defecto, de forma que se orientará al usuario sobre el tipo y magnitud del dato a introducir. A pesar de todo, la aplicación informará de errores en las siguientes situaciones:

- Cuando el texto editable se haya dejado en blanco.
- Cuando se hayan introducido varios datos en una única casilla.

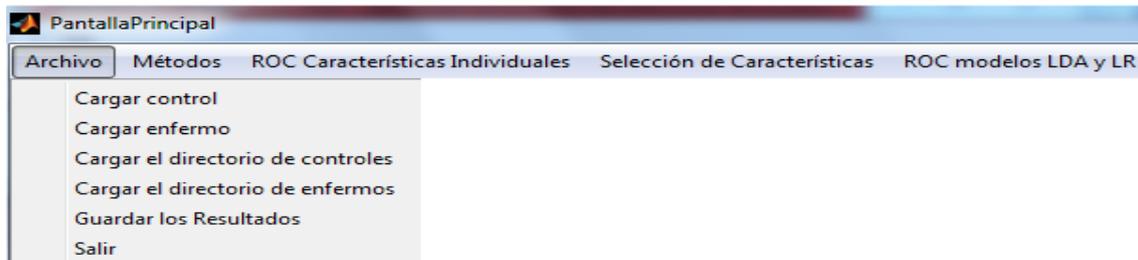


Figura 5.24. Menú Archivo con la opción Guardar Resultados habilitada

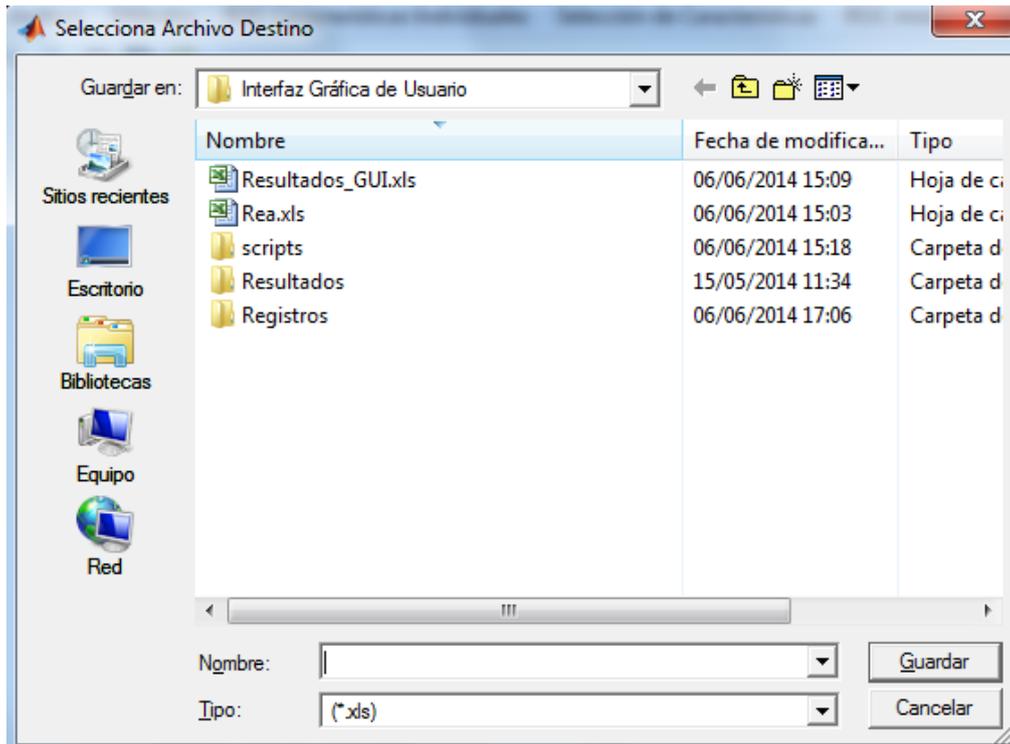


Figura 5.25. Ventana de selección del nombre del fichero Excel y el directorio donde guardarlo

- Cuando el dato introducido no es válido. El dato deberá ser real y no contener espacios en blanco ni al principio ni al final.
- Cuando el dato no esté dentro del rango definido para cada uno de los parámetros.

La aplicación informará de estos errores mediante un mensaje al lado del texto editable cuyo dato es incorrecto. En la Figura 5.29 se muestra un ejemplo de un dato incorrecto.

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R
1	Numero de sujetos SAHS negativo		24															
2	Numero de sujetos SAHS positivo		26															
3																		
4	var_selecc_LDA =		M1t	SampEn														
5	var_selecc_LR =		M1t	Pa	LZC													
6																		
7	Sujeto		M1t	M2t	M3t	M4t	M1f	M2f	M3f	M4f	Pa	Pt	Pr	CTM	SampEn	LZC	LDA	LR
8																		
9	fcsat01j_spo2.dat	97,31583	0,2411	-0,61804	6,6846	0,7329	0,48347	1,3535	3,75915	2,3318	7,32895	5,5231	0,99998879	0,0011	0,0062	0,44147683	0,15099061	
10	fcsat03sf_spo2.dat	97,98415	0,1475	-0,13898	19,655	0,28496	0,07291	1,507	4,24515	0,9284	2,84955	29,781	0,99999123	0,0004	0,0032	0,09432576	0,38015604	
11	fcsat04ig_spo2.dat	98,35257	0,1477	0,48153	7,8319	0,50099	0,19257	1,4393	4,02793	1,5328	5,00991	4,6438	0,99999729	0,0001	0,0049	0,70699183	0,39203001	
12	fcsat05ar_spo2.dat	97,02951	0,41	-1,34094	11,867	0,82452	0,68585	1,4224	3,84745	2,7426	8,24521	127,23	0,99996951	0,0009	0,0059	0,18749667	0,26816357	
13	fcsat07am_spo2.dat	98,05851	0,0619	0,00427	17,262	0,21742	0,02219	1,0275	3,05524	0,5378	2,17416	3,6269	0,99999804	0,0004	0,0034	0,11735293	0,21000549	
14	fcsat09la_spo2.dat	97,08743	0,2727	-0,90734	11,782	0,88976	0,71147	1,2705	3,51243	2,788	8,89765	4,1707	0,99998457	0,0011	0,0067	0,39285851	0,16414569	
15	fcsat13nc_spo2.dat	98,04623	0,1022	-0,02776	21,264	0,35327	0,06253	0,8781	2,82821	0,8767	3,53273	4,6981	0,99998684	0,0006	0,004	0,20142081	0,2262641	
16	fcsat14No_spo2.dat	98,03662	0,1299	-0,53531	18,01	0,45277	0,09796	0,5117	2,02009	1,0224	4,52772	4,0306	0,99998861	0,0006	0,0042	0,20585712	0,23865521	
17	fcsat15Cb_spo2.dat	97,45063	0,3975	-0,94776	7,4484	1,52137	1,46554	0,6076	2,21649	3,8367	15,2137	3,7564	0,99995179	0,0015	0,0071	0,83116506	0,60974865	
18	fcsat16RL_spo2.dat	97,55239	0,2187	-0,47274	8,948	0,68277	0,40627	1,3106	3,65709	2,1371	6,82772	6,204	0,99998525	0,001	0,0056	0,44875637	0,25044089	
19	fcsat21lj_spo2.dat	98,02876	0,0925	-0,92487	20,448	0,31168	0,07503	0,8708	2,39906	0,8521	3,11676	6,0257	0,99999226	0,0004	0,0039	0,12371281	0,23192644	
20	fcsat29SS_spo2.dat	97,09409	0,1558	0,10827	19,036	0,48322	0,13021	1,0921	3,32958	1,2811	4,83217	8,6526	0,99999445	0,0009	0,0048	0,18374864	0,06964139	
21	fcsat35Am_spo2.dat	96,4949	0,2045	0,11536	11,649	0,63707	0,48901	1,5405	4,15468	2,2931	6,37068	8,8969	0,99999107	0,001	0,0045	0,11877165	0,23017702	
22	fcsat37Jm_spo2.dat	97,53154	0,2002	-0,79068	12,328	0,61539	0,33669	1,3815	3,90404	1,9666	6,15386	5,436	0,9999916	0,001	0,0056	0,37362682	0,18854695	
23	fcsat38Sl_spo2.dat	97,91501	0,1095	-1,20308	13,475	0,35292	0,08034	1,3613	3,99125	1,0169	3,52918	5,6367	0,99999761	0,0006	0,0045	0,21356124	0,15311178	
24	fcsat39Im_spo2.dat	97,56998	0,134	-0,3152	12,95	0,4632	0,1433	1,1103	3,06231	1,2762	4,63199	13,236	0,99999102	0,0008	0,0047	0,22614052	0,13893392	
25	fcsat40Gg_spo2.dat	97,60756	0,1182	-0,55754	17,372	0,34608	0,06586	1,2005	3,5248	0,9239	3,46084	7,6854	0,99999303	0,0007	0,0046	0,17902238	0,08654408	
26	fcsat41Xf_spo2.dat	96,74034	0,2673	0,04897	7,8766	0,81849	0,59634	1,3711	3,83329	2,6063	8,18487	12,089	0,99999132	0,0014	0,0059	0,48662788	0,15101391	
27	fcsat42lj_spo2.dat	95,93295	0,5569	-0,6242	9,6014	1,09974	1,39365	1,6206	4,59487	3,9856	10,9974	104,29	0,99998301	0,0014	0,0068	0,20434721	0,24907277	
28	fcsat44Hq_spo2.dat	96,95878	0,386	-0,44612	7,1566	1,28934	1,66338	1,3039	3,6334	4,223	12,8934	5,3756	0,99998091	0,0017	0,0074	0,85086509	0,55942342	
29	fcsat45Sm_spo2.dat	97,46783	0,4416	-0,70867	8,1883	1,46722	1,64973	0,4631	1,65114	3,6391	14,6722	4,8877	0,99993658	0,0013	0,0067	0,72141858	0,63119979	
30	fcsat46Mv_spo2.dat	96,26947	0,1728	0,1452	12,245	0,54899	0,28293	1,4341	3,88682	1,7847	5,48985	9,9792	0,99999384	0,0011	0,005	0,12204194	0,04515254	
31	fcsat47Fa_spo2.dat	97,66558	0,2101	-1,15422	25,972	0,57222	0,35413	1,4918	4,09039	1,9773	5,72216	6,7246	0,99999058	0,0009	0,0055	0,37439244	0,23422273	
32	fcsat48Am_spo2.dat	97,84416	0,1487	-2,21352	17,406	0,43237	0,13192	1,157	3,26891	1,2305	4,3237	3,6293	0,99999226	0,0007	0,006	0,24566174	0,05260344	
33	fcsat02jm_spo2.dat	97,98426	0,1243	-0,54278	15,928	0,39258	0,11693	1,4712	4,08189	1,1988	3,92578	5,8442	0,9999956	0,0008	0,0048	0,34186345	0,18258796	
34	fcsat06lh_spo2.dat	97,62665	0,3257	-1,11773	10,399	0,93492	1,20996	1,6226	4,50204	3,6068	9,34915	5,8154	0,99998291	0,0011	0,0063	0,58704398	0,75339802	
35	fcsat08jg_spo2.dat	96,99924	0,4709	-0,34289	12,155	1,31255	2,17342	1,5653	4,37638	4,8654	13,1255	16,883	0,99995875	0,0015	0,0059	0,73042022	0,95282283	
36	fcsat10Mg_spo2.dat	98,08314	0,1962	-0,39559	13,309	0,57382	0,37871	1,3477	3,58791	1,9661	5,73816	5,1157	0,99998021	0,0006	0,0039	0,25118203	0,72178295	
37	fcsat11sr_spo2.dat	96,26499	0,6634	-0,36833	8,9642	1,70678	2,95259	1,3816	3,89753	5,7115	17,0678	6,3313	0,99995758	0,0018	0,0076	0,76688999	0,86669995	
38	fcsat12dg_spo2.dat	97,65106	0,1469	-0,06162	19,439	0,48	0,17353	1,2074	3,30888	1,3982	4,79996	8,4189	0,99999241	0,0008	0,0047	0,29631744	0,18001474	
39	fcsat17Gm_spo2.dat	95,80379	0,8127	-0,23559	4,869	2,49597	7,99443	1,4068	3,93203	0,9067	24,9597	6,6235	0,99994086	0,0021	0,0073	0,85481721	0,99967236	
40	fcsat18Me_spo2.dat	97,88992	0,3727	-0,65232	10,738	1,38596	1,96906	1,163	3,3031	4,4928	13,8596	4,3237	0,99994918	0,0013	0,006	0,80901478	0,9691593	
41	fcsat19Do_spo2.dat	97,06371	2,1394	-0,67143	6,2798	6,13097	83,7874	1,8691	5,32004	29,451	61,3097	6,0075	0,99977197	0,0021	0,0073	0,97511921	1	
42	fcsat20Dl_spo2.dat	97,44633	0,3475	-0,63971	6,6568	1,14248	2,64183	1,8105	5,0475	5,221	11,4248	4,7498	0,99997459	0,001	0,0055	0,39031626	0,99137541	
43	fcsat22Sg_spo2.dat	97,9797	0,1918	-0,58913	13,115	0,7365	0,40818	0,9616	2,89667	2,0863	7,36495	2,7938	0,99997988	0,0007	0,0046	0,33133068	0,58295399	
44	fcsat23Lp_spo2.dat	96,59338	0,264	0,01653	8,7147	0,90939	0,51775	0,7969	2,52814	2,3675	9,09388	7,6848	0,99997948	0,0017	0,0067	0,7248792	0,04091177	
45	fcsat24lg_spo2.dat	95,21736	1,5873	0,44459	9,1255	1,99648	4,97624	1,7758	5,02366	7,5861	19,9648	62,673	0,99984426	0,002	0,0065	0,52959092	0,99405332	
46	fcsat25Jo_spo2.dat	97,41189	0,4287	-0,49321	8,4767	1,16939	2,22769	1,8175	1,18452	4,9435	11,6939	9,2975	0,99997478	0,0013	0,0062	0,65773005	0,96917558	
47	fcsat26Ca_spo2.dat	97,67032	0,2929	-0,15126	12,112	1,11497	1,14664	0,8378	2,29623	3,1724	11,1497	6,696	0,99998054	0,0012	0,0056	0,70687508	0,74124164	
48	fcsat27Sa_spo2.dat	98,19739	0,1692	-0,80452	10,306	0,64973	0,25464	0,94	2,86379	1,7088	6,49731	4,8512	0,99998522	0,0009	0,0058	0,55813842	0,21377998	
49	fcsat28Mc_spo2.dat	96,80057	1,1753	-0,11917	8,3666	3,10578	15,4474	1,6149	4,45967	12,624	31,0578	37,901	0,99981992	0,0017	0,0059	0,80615701	0,99999998	
50	fcsat30Vv_spo2.dat	97,30131	0,5627	-0,101378	9,7514	1,80406	3,90986	1,4653	4,04764	6,4547	18,0406	5,0135	0,99994044	0,0016	0,0081	0,88203214	0,98667032	
51	fcsat31Jc_spo2.dat	97,88261	0,2826	-0,9707	12,826	1,05295	1,14178	0,8984	2,35313	3,1147	10,5295	3,246	0,99996747	0,0008	0,0049	0,3744614	0,86627886	
52	fcsat32Mc_spo2.dat	96,78557	0,7991	-0,04874	9,7854	2,30053	3,17265	1,353	3,74819	6,4204	23,3053	14,703	0,99993784	0,0015	0,0063	0,62727192	0,99492628	

Figura 5.26. Archivo Microsoft Excel ® de almacenamiento de resultados (1).

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R
25	fcsat40Gg_spo2.dat	97,60756	0,1182	-0,55754	17,372	0,34608	0,06586	1,2005	3,5248	0,9239	3,46084	7,6854	0,99999303	0,0007	0,0046	0,17902238	0,08654408	
26	fcsat41Xf_spo2.dat	96,74034	0,2673	0,04897	7,8766	0,81849	0,59634	1,3711	3,83329	2,6063	8,18487	12,089	0,99999132					

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R
49	fcsat28Mc_spo2.dat		96,80057	1,1753	-0,11917	8,3666	3,10578	15,4474	1,6149	4,45967	12,624	31,0578	37,901	0,99981992	0,0017	0,0059	0,80615701	0,99999998
50	fcsat30Vm_spo2.dat		97,30131	0,5627	-1,01378	9,7514	1,80406	3,90986	1,4653	4,04764	6,4547	18,0406	5,0135	0,99994044	0,0016	0,0081	0,88203214	0,98667032
51	fcsat31Ic_spo2.dat		97,88261	0,2826	-0,9707	12,826	1,05295	1,14178	0,8984	2,35313	3,1147	10,5295	3,246	0,99996747	0,0008	0,0049	0,3744614	0,86627886
52	fcsat32Mc_spo2.dat		96,78557	0,7991	-0,04874	9,7854	2,33053	3,17265	1,353	3,74819	6,4204	23,3053	14,703	0,99993784	0,0015	0,0063	0,62727192	0,9942628
53	fcsat33Df_spo2.dat		96,71728	0,5276	-0,25078	6,4107	1,82255	4,96116	1,2754	3,1663	6,6154	18,2255	5,5848	0,99996226	0,0017	0,007	0,78681371	0,99248665
54	fcsat34Sc_spo2.dat		96,53763	1,7454	-0,66301	8,779	5,05293	60,322	1,9055	5,39792	24,913	50,5293	6,533	0,99981114	0,0022	0,0078	0,95609743	1
55	fcsat36Mr_spo2.dat		96,21341	0,3614	-0,22116	8,0189	1,21988	1,7347	1,4598	4,03451	4,3174	12,1988	6,8816	0,99997957	0,0016	0,0066	0,51408239	0,53370892
56	fcsat43Sb_spo2.dat		97,2579	0,2876	0,03244	12,407	1,04954	0,97248	0,8727	2,42322	3,0026	10,4954	8,2353	0,99998345	0,0011	0,0055	0,40910167	0,55306727
57	fcsat49Mp_spo2.dat		94,73546	3,1232	-0,33397	4,1966	7,71906	116,314	1,6585	4,65304	34,193	77,1906	13,954	0,99974667	0,0032	0,009	0,98671448	1
58	fcsat50Am_spo2.dat		97,65155	0,4227	-0,93779	8,5275	1,63576	4,27462	1,4282	3,7602	6,3814	16,3576	4,0247	0,99996715	0,0011	0,0058	0,61726171	0,99906166
59																		
60	P-valor		0,177151	0,0002	0,70494	0,0304	2E-05	1,2E-05	0,0665	0,11801	2E-05	2E-05	0,7634	1,5554E-05	0,0013	0,0156	7,1553E-05	4,3715E-06
61																		
62	Sensibilidad		61,53846	73,077	50	69,231	76,9231	73,0769	53,846	46,1538	73,077	76,9231	53,846	60,7692308	65,385	61,538	65,3846154	60,7692308
63																		
64	Especificidad		58,33333	79,167	62,5	62,5	83,3333	83,3333	70,833	70,8333	83,333	83,3333	45,833	75	70,833	54,167	79,1666667	87,5
65																		
66	Precisión		60	76	56	66	80	78	62	58	78	80	50	78	68	58	72	84
67																		
68	Área bajo la curva ROC		0,612179	0,8061	0,53205	0,6795	0,85256	0,86218	0,6522	0,62981	0,8574	0,85256	0,5256	0,85737179	0,766	0,7003	0,82852564	0,87980769
69																		
70																		
71																		
72																		
73																		
74																		
75																		
76																		

Figura 5.28. Archivo Microsoft Excel ® de almacenamiento de resultados (3).

Configuracion_Metodos

Momentos estadísticos

Tamaño de segmento:

Análisis en frecuencia

Tipo de Ventana:

Tamaño de ventana: Valor incorrecto

Número de puntos de la DFT:

Banda de interés (entre 0 y 50 Hz)

Frecuencia inicial:

Frecuencia final:

Análisis no lineal

Medida de la Tendencia Central (CTM)

Radio:

Tamaño de segmento:

Complejidad de Lempel Ziv (LZC)

Tamaño de segmento:

Entropía Muestral (SampEn)

Tamaño de segmento:

m: r:

Figura 5.29. Mensaje de dato incorrecto.

5.3.9 Consejos de funcionamiento y mejoras de la aplicación

Para finalizar el manual de usuario, se exponen una serie de consejos para una utilización de la herramienta de forma adecuada:

- La aplicación ha sido creada para una resolución de pantalla de 1280x1024. La correcta visualización de todos los componentes gráficos sólo es posible sobre esta resolución. Si ésta es menor, el tamaño de los gráficos sobrepasa el de la pantalla y no es posible modificarlos, mientras que si es mayor, es posible ajustar la ventana, pero no es recomendable.
- Se recomienda al usuario seguir el diagrama de secuencia de operaciones de la Figura 5.2 para evitar posibles errores.
- La herramienta ha sido desarrollada mediante el lenguaje de programación de Matlab®, utilizando las funciones proporcionadas en sus diferentes *toolbox*. La versión utilizada ha sido la 7.14.0.739 (R2012a). La herramienta se ha probado sobre otras versiones actualizadas de Matlab®, obteniéndose un funcionamiento casi óptimo. Los métodos programados funcionaron perfectamente y los resultados y las representaciones gráficas obtenidos fueron correctos, a pesar de que se pudo observar algún error de manejo de gráficos en el interfaz de comandos de Matlab®. Por lo tanto, aunque el funcionamiento se considera muy aceptable, se recomienda la utilización de la versión 7.14.0.739 (R2012a).

A continuación se enumeran una serie de limitaciones que podrían solucionarse en versiones futuras de la aplicación mejorando su funcionamiento:

- Como se indicó anteriormente, la utilización de la aplicación con versiones de Matlab® diferentes a la recomendada no está libre de errores, aunque no impide el correcto funcionamiento de la misma. Sería recomendable en un futuro hacer a la aplicación totalmente compatible con estas versiones, ya que ofrecen más utilidades y obviamente la tendencia es hacia la utilización de las nuevas versiones.
- Aunque el manual de usuario recogido en este capítulo se considera suficiente para el correcto manejo de la aplicación, sería recomendable añadir un menú de *Ayuda* a la aplicación con información adicional sobre las diferentes opciones y modos de funcionamiento.
- Es posible llegar a situaciones de error asociadas no a un funcionamiento

incorrecto de la herramienta, sino a factores externos derivados de un manejo erróneo de la misma, como por ejemplo la carga de ficheros extraños. La carga de registros se realiza a través de una ventana de exploración de directorios configurada para que inicialmente sólo muestre los archivos de extensión *.dat*, que son los válidos para ser cargados como matrices de Matlab®. Sin embargo, esto puede modificarse y permitir la carga de otros archivos de diferente extensión que generarían una situación de error. Sería conveniente modificar en un futuro la función de carga de registros para que tuviera en cuenta este aspecto y le diese solución.

- De manera similar a lo expuesto anteriormente, también se genera una situación de error cuando se intenta cargar un archivo de extensión *.dat* pero que realmente no contiene datos válidos. Aunque esto es problema del usuario, una versión mejorada de la aplicación podría tener en cuenta este aspecto y mejorarlo.

Capítulo VI: RESULTADOS

6.1 INTRODUCCIÓN

Los métodos descritos en el capítulo anterior han servido para extraer una serie de características de la señal de SpO₂, tanto en el dominio del tiempo como en el de la frecuencia. También se han empleado como conjunto de partida para seleccionar el subconjunto óptimo de parámetros mediante la selección de características bidireccional por pasos, cuya capacidad diagnóstica conjunta ha sido evaluada al ser aplicado como entrada a un clasificador (LDA y LR).

Tanto las características individuales como los modelos óptimos (LDA Y LR) han sido evaluados a través de test de significación, medidas de capacidad de clasificación de test diagnósticos (sensibilidad, especificidad y precisión) y análisis mediante curvas ROC. En este capítulo se muestran los resultados alcanzados al aplicar los métodos propuestos sobre los registros de SpO₂, así como el resultado de la evaluación de la capacidad diagnóstica de dichos métodos.

En el apartado 6.2 se muestran los resultados y la capacidad diagnóstica de los momentos estadísticos, el análisis espectral y los métodos no lineales. A continuación, en el apartado 6.3, se exponen los resultados alcanzados durante la fase de selección de características presentando los subconjuntos óptimos de variables, así como la evaluación de su capacidad diagnóstica.

6.2 EXTRACCIÓN DE CARACTERÍSTICAS. ANÁLISIS INDIVIDUAL

Por cada sujeto y método aplicado sobre la señal SpO₂, se ha extraído un valor numérico. Estos valores se han analizado comparando, mediante técnicas de análisis estadístico, aquellos correspondientes al grupo SAHS positivo con los correspondientes al grupo SAHS negativo. El resultado de esta comparación se ha expresado mediante *p-valores* obtenidos del test no paramétrico de Mann-Whitney. Para cada característica individual se han mostrado los resultados de sensibilidad (*S*), especificidad (*E*), precisión (*P*) y área bajo la curva ROC (*AROC*) obtenidos mediante la construcción de curvas ROC con validación cruzada dejando uno fuera.

6.2.1 Momentos estadísticos

Los momentos estadísticos de primer a cuarto orden ($M1-M4$) se han aplicado para obtener información sobre los registros de SpO₂ tanto en el dominio del tiempo ($M1t$, $M2t$, $M3t$ y $M4t$) como en el de la frecuencia ($M1f$, $M2f$, $M3f$ y $M4f$). La Figura 6.1 (a) muestra el histograma de datos de la amplitud de la señal de SpO₂ para los grupos SAHS positivo y SAHS negativo, mientras que la Figura 6.1 (b) muestra la PSD normalizada promedio para ambos grupos de población.

Además, la tabla 6.1 muestra los valores promedio de $M1t$, $M2t$, $M3t$, $M4t$, $M1f$, $M2f$, $M3f$ y $M4f$ para los grupos SAHS positivo y SAHS negativo de la base de datos. En la tabla 6.2 se exponen los resultados de la evaluación de la capacidad diagnóstica de las características extraídas de la señal de SpO₂.

Los registros de SpO₂ pertenecientes a los sujetos SAHS positivo presentan una varianza temporal significativamente mayor (p -valor < 0.01) que los registros de sujetos SAHS negativo. Esto se corresponde con los histogramas representados en la Figura 6.1 (a) donde se aprecia una mayor dispersión de los datos para el grupo SAHS positivo debido a las desaturaciones. En el resto de momentos estadísticos en el dominio del tiempo no se observan diferencias significativas (p -valor > 0.01).

En los momentos estadísticos en el dominio de la frecuencia se observa que los pacientes SAHS positivo muestran una media y varianza espectral significativamente mayor (p -valor < 0.01) que los sujetos SAHS negativo, lo cual se corresponde con una mayor distribución de potencia a frecuencias mayores de 0.04 Hz en los SAHS positivo debido a las desaturaciones. En cambio, para la *skewness* y la *kurtosis* espectrales no se aprecian diferencias significativas (p -valor > 0.01).

En la tabla 6.2 se aprecia que las características con capacidad diagnóstica aceptable ($AROC \geq 0.700$) son las mismas que presentan diferencias significativas en la tabla 6.1. De entre estos parámetros ($M2t$, $M1f$ y $M2f$), el que mayor precisión alcanza es $M1f$ (80%) y el que mayor $AROC$ es $M2f$ (0.8622), siendo este último el parámetro individual extraído de la señal de SpO₂ cuyo $AROC$ es mayor.

En las Figuras 6.2-6.7 se pueden ver las curvas ROC y los diagramas de distribución de los valores del parámetro por grupos de población para los parámetros que alcanzan diferencias significativas ($M2t$, $M1f$ y $M2f$).

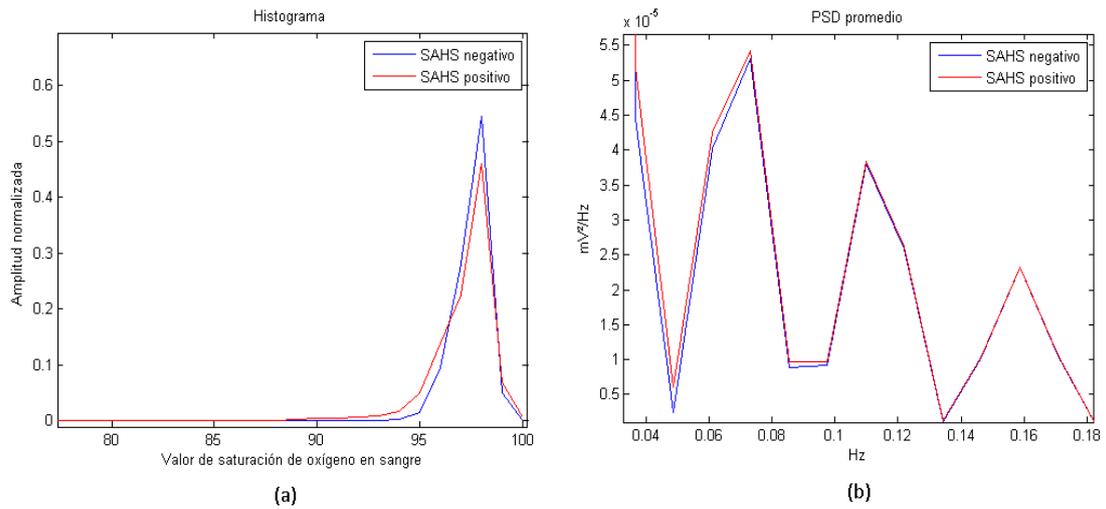


Figura 6.1. (a) Envoltura del histograma normalizado en el dominio del tiempo. (b) PSD normalizada promedio en la banda de interés en el dominio de la frecuencia.

TABLA-6.1 Valores promedio para las características bajo estudio para los grupos SAHS positivo y SAHS positivo.

	SAHS negativos	SAHS positivos	<i>p</i> -valor
$M1t$	97.42 ± 0.62	97.08 ± 0.89	$p > 0.01$
$M2t$	0.22 ± 0.13	0.69 ± 0.72	$p < 0.01$
$M3t$	-0.54 ± 0.60	-0.43 ± 0.38	$p > 0.01$
$M4t$	13.60 ± 5.36	9.99 ± 3.36	$p > 0.01$
$M1f$	0.66 ± 0.36	1.92 ± 1.78	$p \ll 0.01$
$M2f$	0.48 ± 0.53	12.51 ± 28.67	$p \ll 0.01$
$M3f$	1.20 ± 0.32	1.38 ± 0.34	$p > 0.01$
$M4f$	3.44 ± 0.75	3.85 ± 0.95	$p > 0.01$
P_T	6.62 ± 3.64	19.20 ± 17.77	$p \ll 0.01$
PA	1.99 ± 1.09	7.57 ± 8.58	$p \ll 0.01$
P_R	16.51 ± 31.23	10.39 ± 12.71	$p > 0.01$
CTM	$1.0000 \pm 1.44 \cdot 10^{-5}$	$0.9999 \pm 7.22 \cdot 10^{-5}$	$p \ll 0.01$
$SampEn$	$9.32 \cdot 10^{-4} \pm 3.56 \cdot 10^{-4}$	$1.4 \cdot 10^{-3} \pm 5.81 \cdot 10^{-4}$	$p < 0.01$
LZC	$5.3 \cdot 10^{-3} \pm 1.2 \cdot 10^{-3}$	$6.2 \cdot 10^{-3} \pm 1.2 \cdot 10^{-3}$	$p > 0.01$

TABLA-6.2 Evaluación diagnóstica de las características individuales.

	<i>S (%)</i>	<i>E (%)</i>	<i>P (%)</i>	<i>AROC</i>
<i>M1t</i>	61.54	58.33	60	0.6122
<i>M2t</i>	73.08	79.17	76	0.8061
<i>M3t</i>	50	62.5	56	0.5320
<i>M4t</i>	69.23	62.5	66	0.6795
<i>M1f</i>	76.92	83.33	80	0.8526
<i>M2f</i>	73.08	83.33	78	0.8622
<i>M3f</i>	53.85	70.83	62	0.6522
<i>M4f</i>	46.15	70.83	58	0.6298
<i>P_T</i>	76.92	83.33	80	0.8526
<i>PA</i>	73.08	83.33	78	0.8574
<i>P_R</i>	53.85	45.83	50	0.5256
<i>CTM</i>	80.77	75	78	0.8574
<i>SampEn</i>	65.38	70.83	68	0.7660
<i>LZC</i>	61.54	54.17	58	0.7003

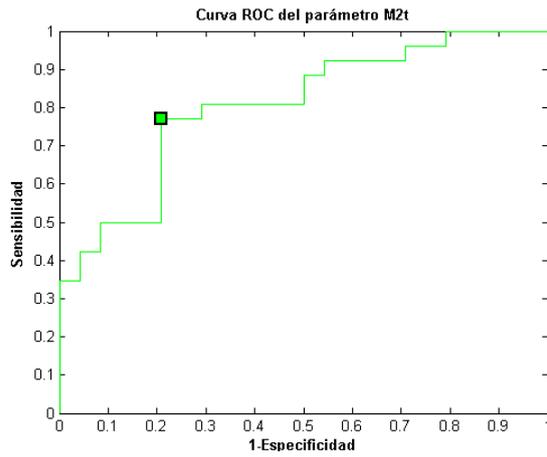


Figura 6.2. Curva ROC para el parámetro M2t

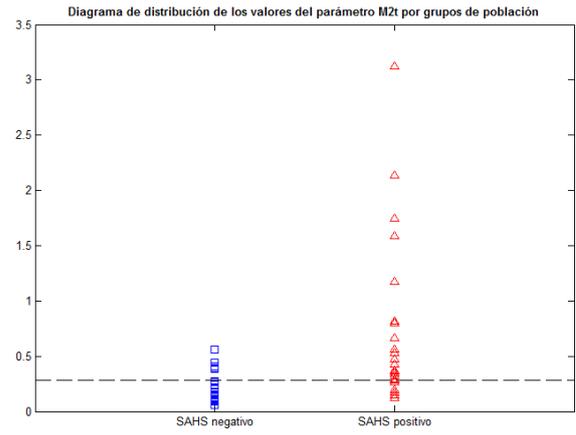


Figura 6.3. Diagrama de distribución de los valores para el parámetro M2t por grupos de población.

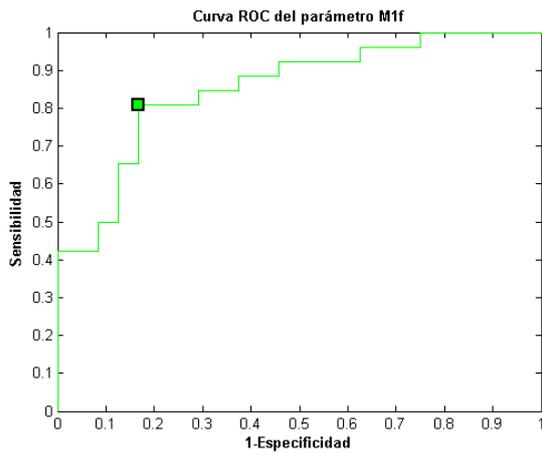


Figura 6.4. Curva ROC para el parámetro M1f

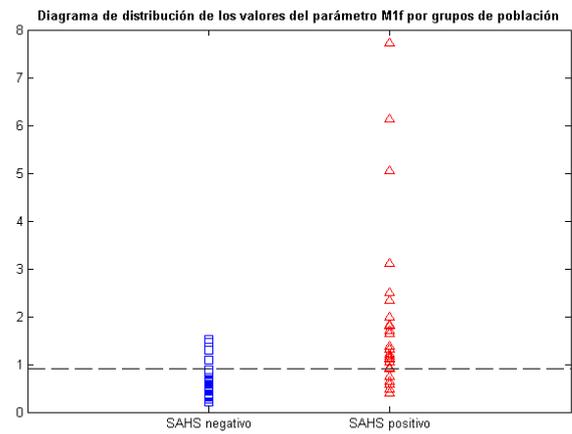


Figura 6.5. Diagrama de distribución de los valores para el parámetro M1f por grupos de población.

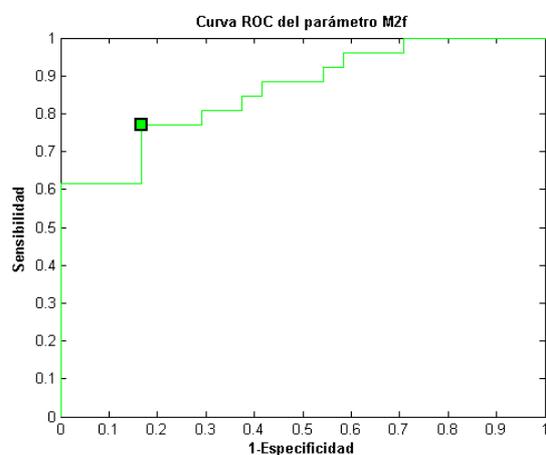


Figura 6.6. Curva ROC para el parámetro M2f

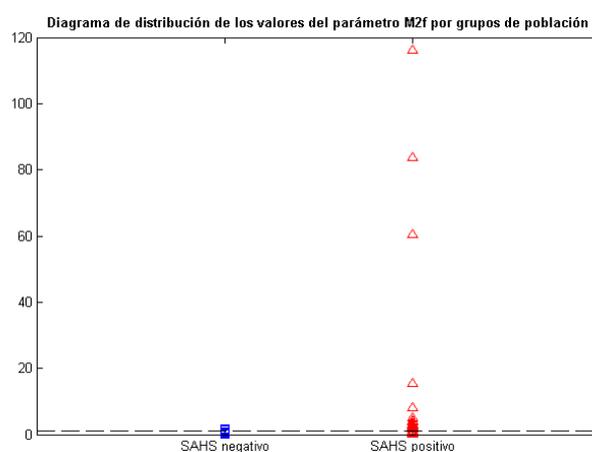


Figura 6.7. Diagrama de distribución de los valores para el parámetro M2f por grupos de población.

6.2.2 Análisis espectral

6.2.2.1 Banda de interés

Como paso previo a hallar los parámetros espectrales, se ha determinado la banda de interés del espectro en la que hay mayores diferencias entre los grupos SAHS negativo y SAHS positivo. Para ello, se han representado las PSD promedio para cada grupo y el *p-valor* del test de Mann-Whitney para cada frecuencia, como se puede ver en las Figuras 6.8 y 6.9 respectivamente.

En las Figuras 6.8 (a) y 6.8 (b) no se aprecian grandes diferencias visuales en la distribución de las componentes espectrales de los grupos SAHS positivo y SAHS negativo, y por tanto de ellas no se puede extraer una banda de interés. Sin embargo, en la Figura 6.9 (a) se comprueba que existe una región a muy bajas frecuencias en las que las diferencias significativas entre grupos se acentúan (*p-valor* < 0.01). Acudiendo al detalle de la Figura 6.9 (b), se aprecia que esta región comprende las frecuencias [0.03662-0.1465] Hz. Esto se puede interpretar fisiológicamente, ya que la banda de interés está en frecuencias inferiores a 0.16 Hz, lo cual es consecuente con una duración mínima de 6 segundos de un evento de apnea en niños. En comparación con adultos se tiene que la banda de interés está a mayores frecuencias porque las apneas en los niños duran menos y su periodicidad puede ser mayor.

Puesto que con este análisis preliminar se han encontrado regiones frecuenciales de interés, los métodos espectrales presentados en el capítulo 4 se han aplicado a la banda 0.03662-0.1465 Hz del espectro de la señal de SpO₂.

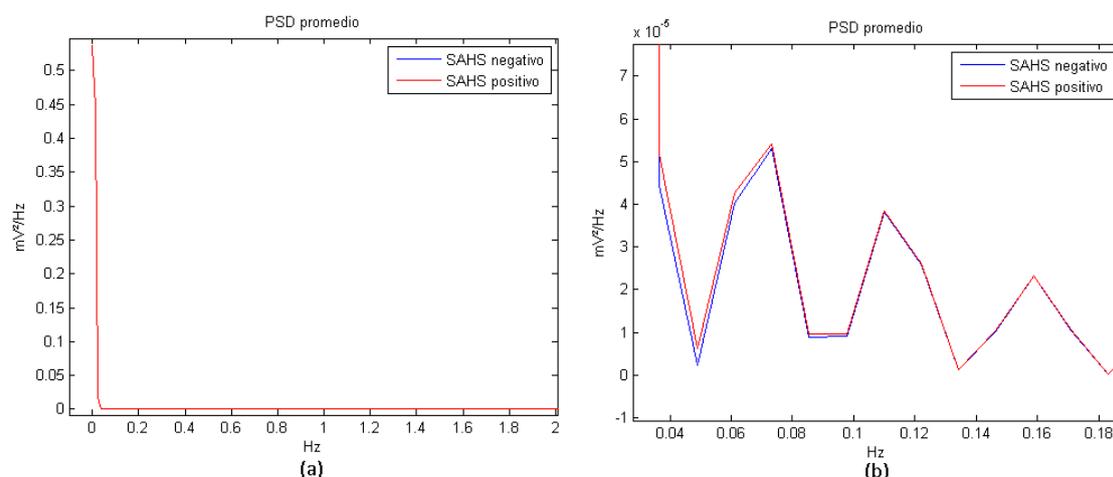


Figura 6.8. (a) Representación conjunta de las PSD promedio para ambos grupos diagnósticos en el intervalo 0-2 Hz y (b) en el intervalo 0.03-0.18 Hz.

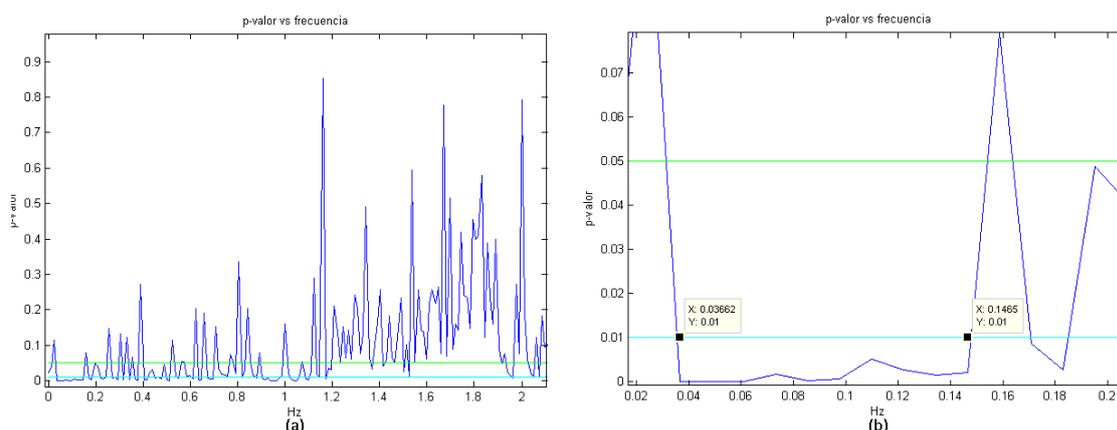


Figura 6.9. (a) Representación del p -valor frente a la frecuencia en el intervalo 0-2 Hz y (b) en el intervalo 0.02-0.2 Hz.

6.2.2.2 Parámetros espectrales

Se han aplicado los métodos espectrales en la banda de interés de la PSD, hallándose los parámetros P_T , PA y P_R . La tabla 6.1 muestra los valores promedio de P_T , PA y P_R para los sujetos SAHS positivo y SAHS negativo de la base de datos. En la tabla 6.2 se exponen los resultados de la evaluación diagnóstica de estos parámetros.

Se puede ver en la tabla 6.1 como los sujetos SAHS positivo presentan una potencia total y una amplitud de pico mayor (p -valor < 0.01) que los sujetos SAHS negativo, lo cual se corresponde con una mayor amplitud en la banda de interés del espectro como se puede observar en la Figura 6.1 (b). La potencia en los sujetos SAHS

negativos se concentra en trono al origen, mientras que en los SAHS positivos se distribuye en frecuencias más altas del espectro. En cambio, no se aprecian diferencias claras entre ambos grupos en la potencia relativa ($p\text{-valor} > 0.01$).

En la tabla 6.2 se puede notar que las características espectrales con capacidad diagnóstica aceptable ($AROC \geq 0.700$) son las mismas que presentan diferencias significativas en la tabla 6.1. De entre estos parámetros (P_T y PA), el que mejor $AROC$ alcanza es P_T (0.8574) y el que mayor precisión es PA (0.8622), siendo este último el parámetro individual extraído de la señal de SpO_2 (junto con $M1f$) cuya precisión es mayor.

En las Figuras 6.10-6.13 se pueden ver las curvas ROC y los diagramas de distribución de los valores del parámetro por grupos de población para los parámetros que alcanzan diferencias significativas (P_T y PA).

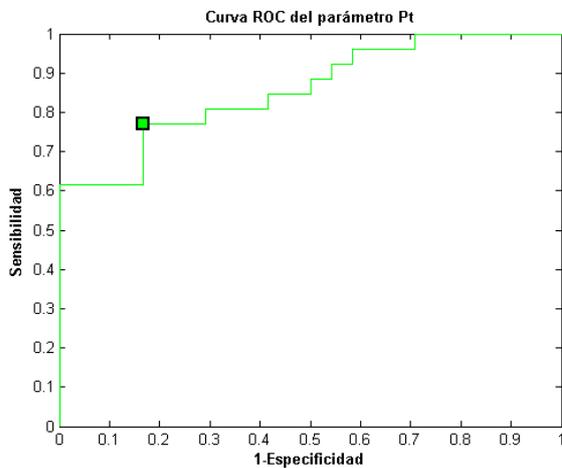


Figura 6.10. Curva ROC para el parámetro P_T .

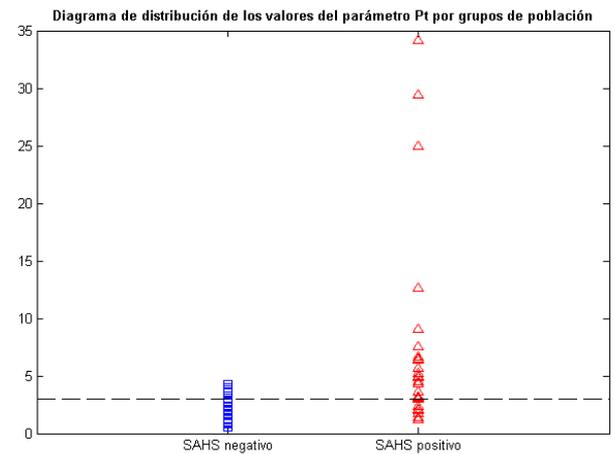


Figura 6.11. Diagrama de distribución de los valores para el parámetro P_T por grupos de población.

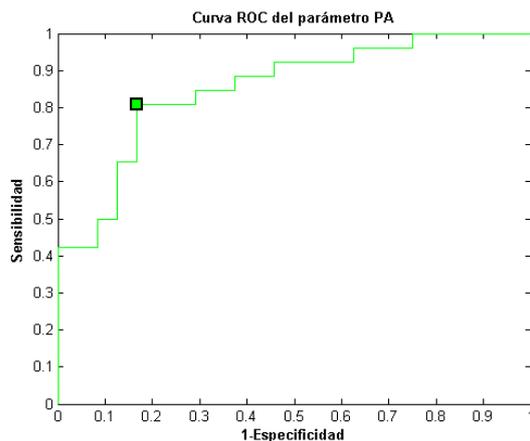


Figura 6.12. Curva ROC para el parámetro PA.

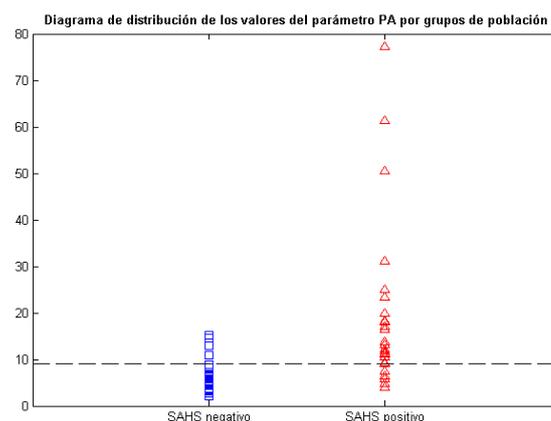


Figura 6.13. Diagrama de distribución de los valores para el parámetro PA por grupos de población.

6.2.3 Parámetros no lineales.

Se han hallado el *CTM*, *SampEn* y *LZC* para obtener información complementaria sobre la señal de SpO_2 que ayude al diagnóstico del SAHS.

Para calcular el *CTM* se calculado previamente el radio óptimo del método. Para ello se ha hallado el valor del radio que proporcione diferencias estadísticas mayores entre los grupos SAHS positivo y SAHS negativo, para ello se ha hallado el *p-valor* mediante el test no paramétrico de Mann-Whitney.. La Figura 6.14 muestra la evolución del *p-valor* con el radio del *CTM* para radios de 1 a 10. Se observa en la Figura 6.14 (a) que las diferencias más significativas se alcanzan con los valores de radio más reducido. Acudiendo al detalle de la Figura 6.14 (b) se obtiene el menor valor del *p-valor* ($1.55 \cdot 10^{-5}$) cuando el radio del *CTM* es 2. Por lo tanto, se selecciona un valor del radio igual a 2 para el cálculo del *CTM*.

En la tabla 6.1 se recogen los valores promedio de *CTM*, *SampEn* y *LZC* para los sujetos SAHS positivo y SAHS negativo de la base de datos. La tabla 6.2 expone los resultados de la evaluación de la evaluación diagnóstica de estos parámetros.

Se observa en la tabla 6.1 que el grupo SAHS positivo alcanza valores de *CTM* significativamente reducidos respecto al grupo SAHS negativo. Esto se traduce en una mayor variabilidad de los registros de SpO_2 debido a las desaturaciones causadas por los eventos de apnea típicos de estos sujetos. El parámetro *CTM* ofrece tanto diferencias significativas (*p-valor* < 0.01) como una capacidad diagnóstica aceptable (*AROC* > 0.700).

Los valores mayores de *SampEn* observados en la tabla 6.1 para el grupo SAHS positivo indican una mayor irregularidad de la señal de SpO_2 debido a las desaturaciones provocadas por los eventos de apnea. Con este parámetro se han

obtenido diferencias significativas entre ambos grupos ($p\text{-valor} < 0.01$) y una capacidad diagnóstica aceptable ($AROC < 0.700$).

Para el parámetro LZC se observa en la tabla 6.1 que los sujetos pertenecientes al grupo SAHS positivo presentan valores mayores que los sujetos SAHS negativos.

Por lo tanto, la complejidad estimada mediante el número de subsecuencias binarias diferentes encontradas en la señal de SpO_2 es mayor en los pacientes de SAHS debido a los cambios en la señal producidos por las desaturaciones. Aunque no se han alcanzado diferencias estadísticas significativas entre ambos grupos ($p\text{-valor} < 0.01$), sí se obtendrían empleando un umbral menos restrictivo ($p\text{-valor} < 0.05$). Sin embargo, sí que se obtiene una capacidad diagnóstica aceptable ($AROC > 0.700$) con esta característica.

En las Figuras 6.15-6.18 se pueden ver las curvas ROC y los diagramas de distribución de los valores del parámetro por grupos de población para los parámetros que alcanzan diferencias significativas (CTM y $SampEn$).

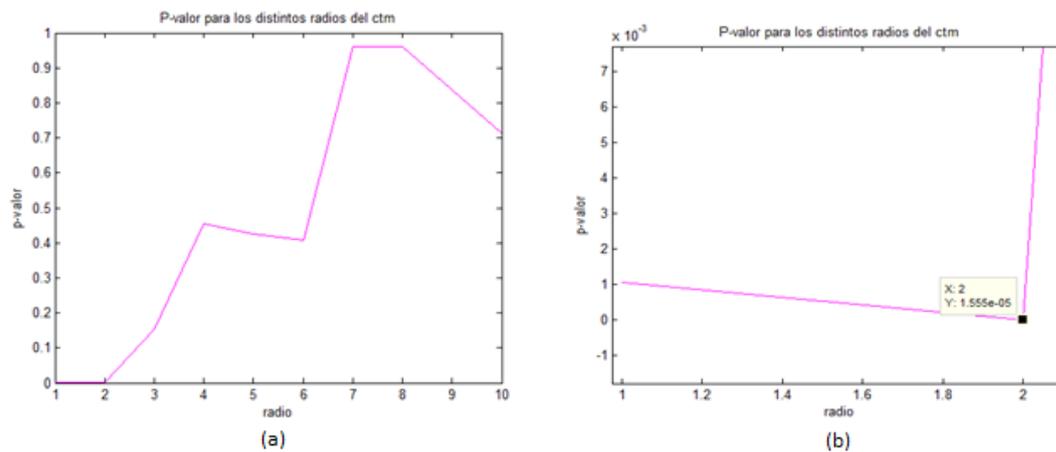


Figura 6.14. Representación del p-valor frente al radio para el CTM

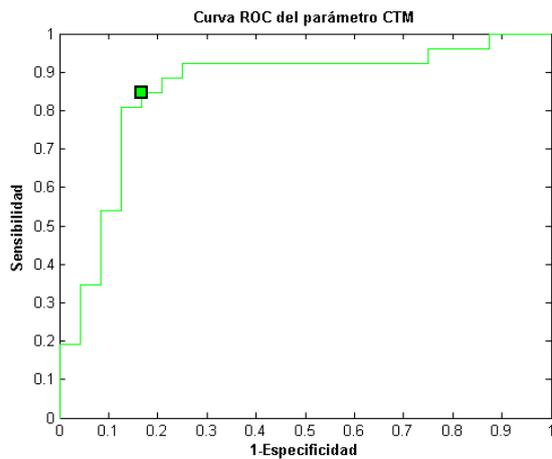


Figura 6.15. Curva ROC para el parámetro CTM.

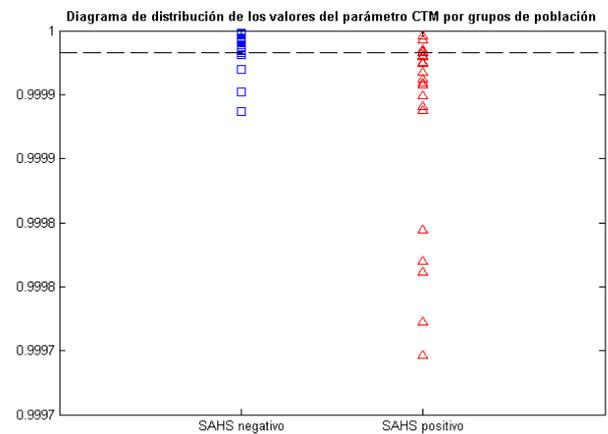


Figura 6.16. Diagrama de distribución de los valores para el parámetro CTM por grupos de población.

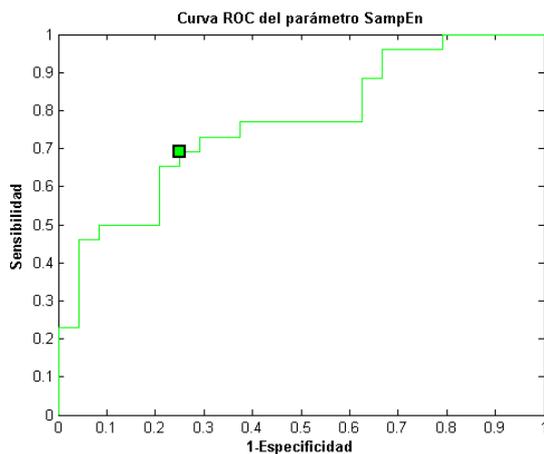


Figura 6.17. Curva ROC para el parámetro SampEn.

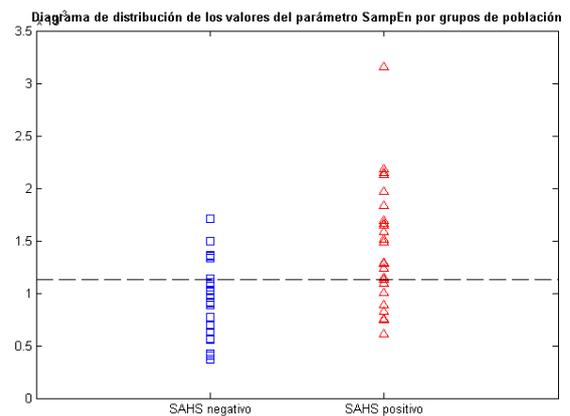


Figura 6.18. Diagrama de distribución de los valores para el parámetro SampEn por grupos de población.

6.3 SELECCIÓN Y CLASIFICACIÓN DE CARACTERÍSTICAS

El conjunto de partida esta compuesto por 14 características: 4 movimientos estadísticos en el dominio del tiempo ($M1-M4t$), 4 movimientos estadísticos en el dominio de la frecuencia ($M1-M4f$), 3 parámetros espectrales convencionales (P_T , P_A y P_R) y 3 métricas no lineales (CTM , $SampEn$ y LZC). A este conjunto de características se le aplico selección de características bidireccional por pasos

mediante LDA y LR. A continuación, se presentan las características seleccionadas y los resultados diagnósticos alcanzados con cada una de las metodologías.

6.3.1 Selección de características bidireccional paso a paso hacia adelante y clasificación mediante LDA

La tabla 6.3 recoge los resultados de la evaluación diagnóstica del proceso de selección de características bidireccional por pasos usando el clasificador LDA. Los datos mostrados son resultado de la evaluación de los modelos construidos en cada etapa mediante validación cruzada dejando uno fuera. El proceso seleccionó automáticamente 2 características del conjunto de partida: *M1t* perteneciente a los momentos estadísticos, y *SampEn* del subconjunto de medidas no lineales. En la tabla 6.3 se observa como la precisión se incrementa desde un 70 % hasta un 74 % y el *AROC* desde 0.7660 hasta 0.8285 entre los dos pasos del proceso de selección automático.

6.3.2 Selección de características bidireccional paso a paso hacia adelante y clasificación mediante LR.

En la tabla 6.4 se muestran los resultados de la capacidad diagnóstica del proceso de selección de características bidireccional por pasos usando el clasificador LR. Los datos mostrados son resultado de la evaluación de los modelos construidos en cada etapa mediante validación cruzada dejando uno fuera. El proceso seleccionó automáticamente 3 características del conjunto de características de entrada: *M1t* del subconjunto de momentos estadísticos, *PA* perteneciente a los parámetros espectrales convencionales y *LZC* del subconjunto de características no lineales. En la tabla 6.3 se observa como la precisión se incrementa desde un 68% hasta un 84 % y el *AROC* desde 0.766 hasta 0.8798 en los sucesivos pasos del proceso de selección automático.

6.3.3 Comparación de las metodologías de análisis

Se han comparado los resultados de la capacidad diagnóstica obtenidos con la mejor característica individual con los obtenidos con los clasificadores LDA y LR. En la Figura 6.19 se visualizan las curvas ROC correspondientes a la característica individual con mejor *AROC* (*M2f*), al clasificador LDA y al clasificador LR.

TABLA-6.3 Evaluación diagnóstica del modelo LDA construido en cada paso del proceso de selección de características.

Características en el modelo	<i>TP</i>	<i>TN</i>	<i>FP</i>	<i>FN</i>	<i>S</i> (%)	<i>E</i> (%)	<i>P</i> (%)	<i>AROC</i>
<i>SampEn</i>	16	19	5	10	61.54	79.17	70	0.7660
<i>SampEn, M1t</i>	18	19	5	8	69.23	79.17	74	0.8285

TABLA-6.4 Evaluación diagnóstica del modelo LR construido en cada paso del proceso de selección de características.

Características en el modelo	TP	TN	FP	FN	S(%)	E(%)	P(%)	AROC
<i>SampEn</i>	17	17	7	9	65.38	70.83	68	0.7660
<i>SampEn,M1t</i>	18	19	5	8	69.23	79.17	74	0.8269
<i>SampEn,M1t,PA</i>	18	20	4	8	69.23	83.33	76	0.8926
<i>M1t,PA</i>	18	20	4	8	69.23	83.33	76	0.8942
<i>M1t,PA,LZC</i>	21	21	3	5	80.77	87.5	84	0.8798

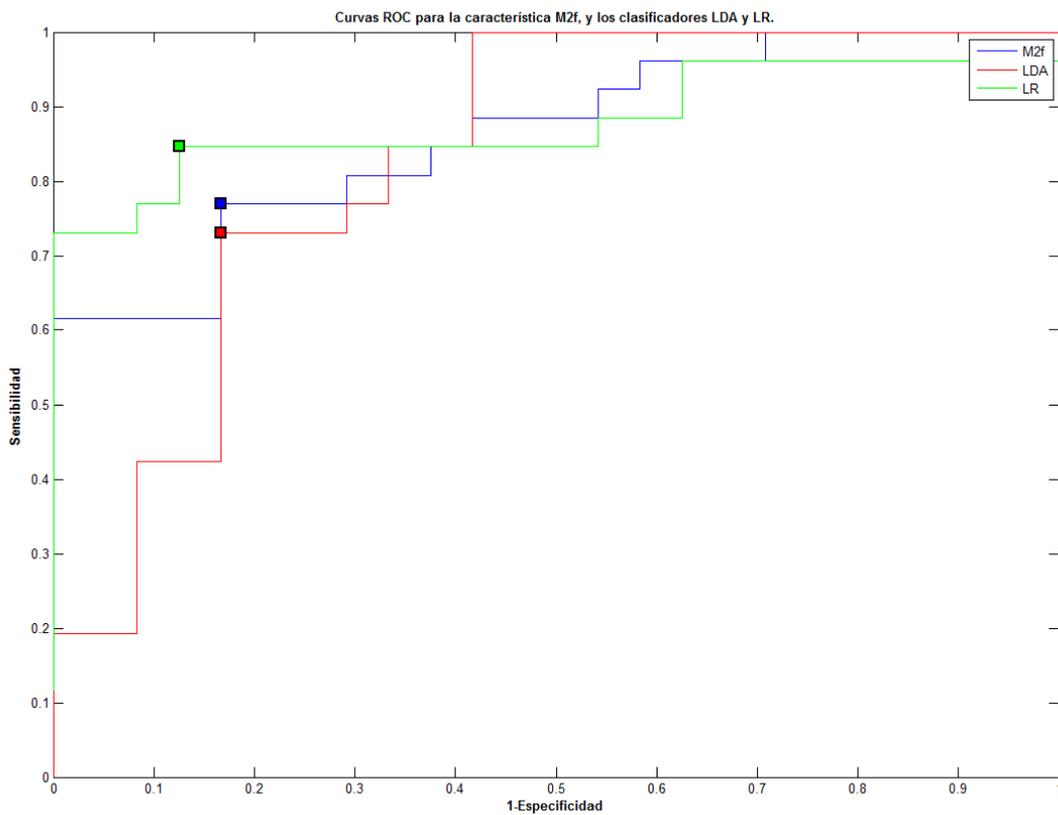


Figura 6.19. Representación de las curvas ROC para la característica *M2f*, y los clasificadores LDA y LR.

Capítulo VII: DISCUSIÓN

7.1 INTRODUCCIÓN

En el presente TFG se han analizado los registros de SpO_2 realizados a niños con síntomas previos de padecimiento de SAHS. El análisis de la señal de SpO_2 se ha dividido en tres partes bien diferenciadas: extracción, selección y clasificación de características. Tras la exposición de los resultados obtenidos con esta metodología en el capítulo anterior, se procede al análisis e interpretación de los mismos, y a la comparación con los proporcionados en estudios previos dentro del contexto de ayuda al diagnóstico del SAHS en niños.

En el apartado 7.2 se realiza el análisis de los resultados obtenidos en la fase de extracción de características. A continuación, en el apartado 7.3 se lleva a cabo la interpretación de los resultados alcanzados con selección de características por pasos mediante LDA y LR, y a su vez, también recoge un análisis conjunto en el que se comparan las ideas mostradas en el apartado precedente. Finalmente, en el apartado 7.4 se comparan los resultados logrados en el presente estudio con los de otros estudios.

7.2 EXTRACCIÓN DE CARACTERÍSTICAS

Es relevante ver que se han obtenido diferencias significativas entre ambos grupos de población tanto con características de los registros de SpO_2 en el dominio del tiempo como con características obtenidas a través de la PSD de estos registros, como se observa en la tabla 6.1.

Por un lado, a partir de los registros de SpO_2 en el dominio del tiempo, se obtienen diferencias significativas con la varianza en el dominio del tiempo ($M2t$), el CTM y la $SampEn$. Esto es coherente con el hecho de que los sujetos SAHS positivos presenten desaturaciones en la señal de SpO_2 provocadas por eventos de apnea y/o hipopnea, lo cual hace que las señales de estos sujetos presenten mayor variabilidad e irregularidad. Además, de acuerdo con los histogramas de los registros de SpO_2 para ambos grupos en el dominio del tiempo se puede observar que el grupo SAHS positivo presenta mayor anchura en la envolvente del histograma de valores de SpO_2 , correspondiéndose con diferencias significativas en $M2t$ y CTM . También es importante indicar que los parámetros con los que se obtienen diferencias significativas entre grupos presentan un $AROC > 0.700$ (capacidad diagnóstica aceptable [76]), y los parámetros que caracterizan la variabilidad de los registros, CTM y $M2t$, presentan una capacidad diagnóstica buena ($AROC > 0.800$).

A la hora de analizar la PSD de las señales de SpO₂, se encuentran diferencias significativas con los parámetros $M1f$, $M2f$, P_T y PA en la banda de interés. Al aplicarse la PSD por segmentos a los registros de SpO₂, se puede considerar a estos segmentos cuasiestacionarios. Esto conlleva a que las características de los registros en el dominio de la frecuencia recojan de manera apropiada las diferencias espectrales entre grupos, ya que se consigue recoger la información correspondiente a la componente periódica de los ceses respiratorios. Esto se corresponde con el análisis realizado para determinar la banda de interés, en el que se obtuvieron diferencias significativas entre las PSD promedio de ambos grupos en la banda de interés, como se observa en la Figura 6.9. Hasta en cuatro parámetros de dicha banda ($M1f$, $M2f$, P_T y PA) se alcanza una capacidad diagnóstica buena ($AROC > 0.800$). Entre ellos, $M2f$ obtiene el $AROC$ más elevado de todas las características individuales de los registros de SpO₂ (0.8622), mientras que $M1f$ y PA alcanzan la precisión más alta (80%).

7.3 SELECCIÓN Y CLASIFICACIÓN DE CARACTERÍSTICAS

Se ha aplicado la selección de características bidireccional por pasos para eliminar información ruidosa y redundante, seleccionando solamente aquellas características con un mayor poder conjunto de clasificación, con el objetivo de incrementar la capacidad diagnóstica de la señal de SpO₂ [79].

Al aplicar selección de características con el clasificador LDA se seleccionan las características $M1t$ y $SampEn$. Los resultados obtenidos son una sensibilidad del 69.23 %, una especificidad del 79.17%, una precisión del 74% y un $AROC$ de 0.8285. Teniendo en cuenta la precisión, estos resultados son inferiores a los alcanzados con los parámetros individuales $M2t$, $M1f$, $M2f$, PA , P_T y CTM . Además, se puede ver que la $AROC$ obtenida es menor a la de las características $M1f$, $M2f$, PA , P_T y CTM . Por lo tanto, en este caso, la selección automática de características mediante LDA no mejora el rendimiento diagnóstico obtenido con las características individuales.

A partir de la interpretación realizada sobre los resultados de las características individuales se entiende que un subconjunto óptimo del espacio de características debería tener información complementaria sobre el comportamiento de la señal de SpO₂ durante los eventos de apnea. Luego el subconjunto óptimo de características debería integrar a las diferentes metodologías de análisis empleadas: momentos estadísticos, análisis espectral y análisis no lineal. Las características seleccionadas ($M1t$ y $SampEn$) proporcionan información sobre la tendencia central y la irregularidad que introducen los eventos de apnea en los registros de SpO₂. Sin embargo, las características seleccionadas no cuantifican el comportamiento repetitivo de las desaturaciones debido a los episodios de apnea producido en los pacientes de SAHS. En cambio, los métodos de análisis espectral sintetizan la frecuencia de estos eventos de apnea. Por lo tanto, al no ser el subconjunto de características seleccionado representativo sobre las principales características de los

eventos de apnea, los resultados obtenidos tras la clasificación no mejoran la capacidad diagnóstica de los resultados individuales.

La explicación de por qué no se ha seleccionado un subconjunto óptimo cuyas características aporten información complementaria viene determinada por el funcionamiento del clasificador LDA. En primer lugar, LDA requiere que las funciones de densidad de probabilidad condicionada de cada clase $p(y|w_j)$ sigan una distribución normal y que las matrices de covarianza de las clases sean idénticas (homocedasticidad) [91]. Además, LDA es un modelo de clasificación que divide el espacio de características de entrada en regiones de decisión, siendo la frontera que las separa una función lineal [90]. Cuando las características individuales no presenten una distribución normal y homocedástica y la frontera que separa a los diferentes grupos no sea lineal, LDA no alcanzará resultados óptimos. En este estudio, se han empleado test estadísticos no paramétricos debido a que la distribución de los datos no era normal y homocedástica, por lo tanto el clasificador LDA no es el más adecuado para mejorar el rendimiento diagnóstico, aunque es el clasificador clásico de referencia y su utilización está justificada.

La etapa de selección de características se ha completado con el uso de un clasificador basado en un modelo LR. Al realizar selección de variables a partir de un modelo LR se han seleccionado las variables *M1t*, *PA* y *LZC*, alcanzando una sensibilidad de 80.77 %, una especificidad del 87.5 %, una precisión del 84 % y un *AROC* de 0.8798 empleando validación cruzada dejando uno fuera. El resultado obtenido presenta mayor precisión y *AROC* que todas las características individuales incluidas en el modelo LR, poniendo de manifiesto que el empleo conjunto de la información de las características seleccionadas mejora el rendimiento de cada una de las características de manera individual.

Se puede ver que las m variables seleccionadas para los modelos no son las m variables que mejor rendimiento individual alcanzan, sino que, como se puede ver en el algoritmo descrito en el *capítulo IV*, en cada paso se incluyen aquellas que aportan información complementaria y se excluyen las que aportan información redundante. Por ejemplo, el subconjunto óptimo de características seleccionadas incluye al parámetro *LZC* que presenta un rendimiento individual muy pobre, y, en cambio, excluye al parámetro *M2f*, que es el que mayor *AROC* alcanza de todos los parámetros obtenidos.

Es destacable ver que las variables seleccionadas sintetizan las principales características de los eventos de apnea: frecuencia y variabilidad. *PA* cuantifica el comportamiento repetitivo de las desaturaciones debido a los eventos de apnea, mientras que *LZC* representan la complejidad que introducen dichos eventos en el registro nocturno de SpO_2 de los pacientes de SAHS. Por otro lado, *M1t* cuantifica la tendencia central de los datos, que deriva hacia valores más pequeños en los pacientes SAHS positivo debido a las desaturaciones. Además, LR no requiere que las variables independientes sean normales y homocedásticas, ya que no realiza ninguna suposición sobre la naturaleza estadística de los datos [88,91]. Esto es

coherente con el incremento en el rendimiento diagnóstico obtenido con esta metodología.

Podemos concluir por lo tanto, que la selección de características bidireccional por pasos es adecuada para mejorar el rendimiento diagnóstico en este estudio, mientras que el uso del clasificador LDA no es adecuado para el incremento de la eficacia diagnóstica debido a la naturaleza de los datos, inconveniente que se resuelve empleando LR.

7.4 COMPARACIÓN CON OTROS ESTUDIOS

Se han encontrado múltiples estudios centrados en técnicas de procesamiento de señal empleadas para el diagnóstico del SAHS en niños [6-22]. La tabla 7.1 recoge las principales características de estos estudios, así como el rendimiento diagnóstico de la metodología desarrollada. Las señales analizadas en estos estudios son, principalmente, el ECG, la fotopleletismografía (*Photoplethysmography*, PPG) y la señal de SpO₂.

En primer lugar, algunos estudios realizan un análisis de la señal del ECG para la ayuda al diagnóstico del SAHS en niños [6-10]. En estos estudios lo que se hace es extraer alguna característica de los registros del ECG. En la mayor parte de estos trabajos, se identifican los complejos QRS y el intervalo RR, y a partir de ellos se hallan características en el dominio del tiempo, en el dominio de la frecuencia o mediante análisis no lineal. Solamente dos de estos estudios emplean un número de sujetos comparable al del presente TFG [7,10].

Es interesante la comparación con el estudio desarrollado por *Shouldice et al* [7], ya que utiliza selección de características mediante análisis discriminante cuadrático (*Quadratic Discriminant Analysis*, QDA) a partir de características temporales y espectrales del ECG, con una población de 50 sujetos. Además, se emplea validación cruzada, dividiendo a la población (50 sujetos) en grupo de entrenamiento y grupo de test, formados cada uno de los grupos por 25 sujetos, 11 SAHS negativos y 14 SAHS positivos. En este trabajo se alcanza una precisión del 88% (sensibilidad 85.7 % y especificidad 90.9 %), mayor que la mejor precisión obtenida en el presente estudio, con grupos de población bajo estudio equilibrados.

El estudio realizado por *Deng et al.* [10] extrae la variabilidad del ritmo cardiaco (*Heart Rate Variability*, HRV) del ECG mediante análisis espectral y análisis no lineal sobre una población de 52 sujetos. En concreto, se halla la potencia en distintas bandas del espectro mediante la transformada de Wigner- Ville (*Wigner-Ville transform*, WVT), y se calcula la entropía aproximada (*Approximate Entropy*, ApEn), la entropía muestral (*Sample Entropy*, SampEn), el análisis de fluctuaciones sin tendencias (*Detrended Fluctuation Analysis*, DFA) y el límite de ruido (*Noise Limit*, NL) mediante la técnica de valoración numérica (*Numerical Titration*). En este estudio se alcanzan una sensibilidad del 81.3 % una especificidad del 72.2% y un AROC de

0.802. No se aplica validación cruzada a la hora de obtener los resultados diagnósticos.

TABLA-7.1 Comparación con otros estudios

Autor	Año	Tipo Registro	Método de Procesado	Nº sujetos	S(%)	E(%)	P(%)
Kirk et al. [16]	2003	SpO ₂	ODI	57	66.8	60	—
Shouldice et al. [7]	2004	ECG	Clasificación a partir de modelo discriminante cuadrático de características temporales y espectrales.**	50	85.7	90.9	88
Zapanta et al. [6]	2004	ECG	Algoritmo de valoración numérica del intervalo R-R	15	—	—	—
Gil et al. [11]	2005	PPG	Detección eventos de Decremento en la Amplitud de la fotopleletismografía.*	25	76	73	—
Pu et al. [8]	2005	ECG	Índices Cardio-Respiratorios.*	37	89	96	—
Lin et al. [9]	2005	ECG y flujo aéreo	PSD	10	—	—	—
Deng et al. [10]	2006	HRV	Numerical Tritation	52	81.3	72.2	—
Gil et al. [12]	2009	PPG y HRV	Detección eventos de DAP y análisis espectral de HRV mediante SPWVD.*	21	87.5	71.4	80
Gil et al. [13]	2010	PPG	Análisis de la variabilidad de PTT.*****	21	75	87.5	80
Mason et al. [17]	2010	Oximetría y bandas RIP	ODI, eventos respiratorios y arousals del ritmo cardíaco. ****	90	—	—	0.79+
Sepúlveda-Cano et al. [14]	2011	PPG	Características dinámicas de la representación tiempo-frecuencia.*	21	80.0 90	87.5 75	83.33 83.33
Chang et al. [18]	2012	SpO ₂	ODI	141	92 60	38 86	—
Garde et al. [19]	2013	SpO ₂	PSD y características temporales.***	30+38	80 80	94.7 92.1	88 86.8
Tsai et al. [20]	2013	SpO ₂	ODI	148	77.7 83.8 89.1	88.9 86.5 86	—
Cohen et al. [21]	2013	SpO ₂	Características en el dominio del tiempo.****	328	55.9	68.6	68
Cohen et al. [22]	2013	ECG y SpO ₂	Clasificador discriminante lineal de características temporales y espectrales.****	288	58	82.6	82.6
Lázaro et al. [15]	2014	PPG	Detección eventos de DAP y análisis espectral de PRV mediante SPWVD.*****	21	100	71.4	86.7

+ Se trata de un clasificador entre SAHS negativos, SAHS positivos leves y SAHS positivos graves

* Orientado a detección de eventos

** Entrenamiento-Test

*** Validación cruzada dejando uno fuera

**** Validación cruzada en un subconjunto

***** Detección de eventos y validación cruzada dejando uno fuera

En los demás trabajos el número de sujetos de la población bajo estudio es inferior a la del presente TFG [6, 8, 9]. Los estudios en [6] y [9] no proporcionan ni la sensibilidad, ni la especificidad ni la precisión. En el estudio realizado por *Pu et al.* [8] se alcanza una sensibilidad del 89% y una especificidad el 96% a partir de índices cardiorrespiratorios. Sin embargo, estos resultados de clasificación se realizan en base a la detección de eventos. Además, no se emplean técnicas de validación cruzada.

Otros estudios llevan a cabo un análisis de la señal PPG para el diagnóstico del SAHS en niños [11-15], aunque todos ellos han sido llevados a cabo por el mismo grupo de investigación. En estos trabajos se hallan características tanto en el dominio del tiempo como en el dominio de la frecuencia. Sin embargo, la población en todos estos estudios es bastante inferior a la del presente trabajo. El mejor resultado alcanzado con el análisis de la señal de PPG se obtiene en el estudio realizado por *Lázaro et al.* [15]. En este trabajo se hace uso de la variabilidad de la frecuencia de pulso (*Pulse Rate Variability, PRV*) que se extrae de la PPG y se realiza una detección de la reducción de las fluctuaciones de amplitud en la señal del PPG (*Decreases in the Amplitude fluctuations of PPG, DAP*) y se hallan características de la señal PRV en el dominio de la frecuencia. En este estudio se alcanza una sensibilidad del 100%, una especificidad del 71.4% y una precisión del 86.7 % haciéndose uso de validación cruzada dejando uno fuera sobre una población de 21 sujetos.

En último lugar, otros estudios realizan un análisis de la señal de SpO₂ para diagnosticar el SAHS en niños [16-22]. Estos estudios son los más interesantes a la hora de ser comparados con el presente TFG, ya que se realiza un análisis de la misma señal biomédica. Principalmente, estos estudios se basan en el análisis temporal, del que se extraen una serie de parámetros que son utilizados para caracterizar el SAHS. Los parámetros más simples consisten en la SpO₂ promedio, la SpO₂ mínima y el índice de desaturación de oxígeno (*Oxygen Desaturation Index, ODI*), que se obtiene al dividir el número de caídas de la señal de SpO₂ por debajo de un determinado umbral entre el tiempo total registrado [16-22]. También se han tenido en cuenta características clínicas y procedentes de la PSG [16-18,20], características procedentes del análisis espectral [19] y características procedentes del ECG [22]. Todos estos trabajos utilizan una población con un número de sujetos mayor a la del presente estudio.

Dado que el presente trabajo solo hace uso de características extraídas mediante técnicas de procesamiento de señal, es especialmente relevante la comparación con los estudios que obtienen las características empleadas en la clasificación mediante el análisis automático de la señal de SpO₂ sin hacer uso de información de carácter clínico [19, 21, 22]. Además, estos tres estudios realizan clasificación con LDA empleando validación cruzada dejando uno fuera, igual que en el presente trabajo.

Particularmente interesante es la comparación con el trabajo de *Garde et al.* [19] puesto que emplea características temporales y espectrales de la señal de SpO₂ y realiza clasificación con LDA. En este estudio, a partir de una base de datos de 68

sujetos, se han hallado características temporales y espectrales y se ha realizado clasificación diagnóstica con LDA mediante validación cruzada dejando uno fuera. Las características temporales halladas han sido la SpO₂ promedia, la SpO₂ promediana, la desviación típica y el rango intercuartil de la SpO₂, el índice Δ , ODI2, ODI3 y el tiempo por debajo del 92%, 90 %, 88% y 86 %. Para extraer las características en el dominio de la frecuencia se ha calculado la PSD de los registros de SpO₂, se ha determinado como banda de interés la región entre 0.01 y 0.05 Hz y se han extraído la potencia, la potencia relativa y la pendiente en dicha banda. Los mejores resultados obtenidos han sido una sensibilidad del 80%, una especificidad del 94.7 % y una precisión del 88.2 %. Estos resultados son superiores a los alcanzados en el presente estudio; esto puede ser debido al empleo de índices de oximetría clásicos con los que tradicionalmente se han obtenido buenos resultados diagnósticos.

En el trabajo desarrollado por *Cohen y De Chazal*. [21], a partir de una base de datos de 328 sujetos, se extraen parámetros temporales de los registros de SpO₂ y se realiza clasificación automática con LDA empleando validación cruzada dejando uno fuera. Para cada época de la señal, las características temporales empleadas han sido la SpO₂ mínima, la SpO₂ promedio, las caídas de la señal de SpO₂ por debajo del 92%, el número de veces que el valor de SpO₂ es superior al menos en un 3% al de la *baseline*, el número de veces que valor de la *baseline* excede en más de un 3% al de SpO₂, la tasa media absoluta de cambio por segundo en cada segmento y el tercer y el quincuagésimo séptimo valor en los valores de la SpO₂. Se han alcanzado una sensibilidad del 55.9%, una especificidad del 68.5 % y una precisión del 68% correspondientes a clasificar las épocas individualmente. Estos resultados son inferiores a los obtenidos con LDA en el presente TFG. El estudio desarrollado por los mismos autores en [22], emplea la señal de SpO₂ y el ECG con una población de 288 sujetos. Para cada época de la señal se extraen características temporales de la señal de SpO₂, las mismas que en el estudio anterior, y de la señal del ECG. A partir del intervalo RR se extraen características temporales y espectrales. Posteriormente se realiza clasificación con LDA y validación cruzada dejando uno fuera. Al emplear las características de ambas señales como entrada al clasificador se han obtenido una sensibilidad del 58 %, una especificidad del 82.6 % y una precisión del 82.6 % a la hora de clasificar las épocas. Estos resultados alcanzados son claramente superiores a los obtenidos en el presente TFG haciendo uso de LDA. Una posible explicación puede ser el hecho de que al tener un tamaño de población elevado, los datos sean normales y homocedásticos, por lo que el clasificador LDA, que requiere que la distribución de los datos sea gaussiana y homocedástica, actuará mejor sobre los datos de este estudio que sobre los del presente TFG. Además, en el presente TFG no se han incluido algunos índices convencionales clásicos como el ODI, que tienen muy buen rendimiento diagnóstico y no se ha utilizado información del ECG.

En los estudios se ha hecho uso de información clínica junto con los índices de oximetría clásicos. Entre estos estudios es especialmente relevante el desarrollado por *Tsai et al.* [20], en el que a partir de una población de 148 niños se evalúa la capacidad diagnóstica de información clínica y de índices de oximetría clásicos. Seleccionando el ODI como característica y con un umbral de decisión del 4.15 %,

se alcanza una sensibilidad del 89% y una especificidad del 86 %. Sin embargo, no se hace uso de técnicas de validación cruzada a la hora de evaluar la capacidad diagnóstica. En el trabajo realizado por *Mason et al.* [17], a partir de la señal de SpO₂, de la pletismografía de inductancia respiratoria y del EEG se identifican como características la presencia de desaturaciones de SpO₂, la presencia de eventos respiratorios y la presencia de arousals o microdespertares. A partir de estas características se realiza una clasificación en SAHS negativos, SAHS leves y SAHS graves con un algoritmo basado en árbol de decisión mediante validación cruzada en subconjuntos del 10%, alcanzando una precisión del 79%. En los estudios [16] y [18], los resultados obtenidos presentan una precisión bastante menor a la del presente TFG (Sensibilidad del 66.8% y especificidad 60% en el estudio [16], sensibilidad del 60% y especificidad del 86% en [18]) y son alcanzados haciendo uso de características de carácter clínico junto con las características temporales.

7.5 LIMITACIONES

Tras el desarrollo del presente estudio, es importante indicar algunas limitaciones que se han encontrado y que han podido condicionar los resultados alcanzados.

La limitación más importante de este tipo de trabajos es el número de sujetos que forman la población bajo estudio. Se ha visto como los estudios desarrollados con la señal de SpO₂ constaban de un número de registros superior al utilizado en el presente trabajo. Con un número mayor de registros se podría otorgar mayor validez y generalización a los resultados alcanzados.

Otra limitación importante es que solamente se realiza clasificación entre SAHS positivos y SAHS negativos. Algunos trabajos realizan una clasificación del grado de padecimiento de la enfermedad en función del valor del AHI, asociando un AHI menor que 1 al no padecimiento de SAHS, un AHI entre 1 y 5 con un SAHS leve, un AHI entre 5 y 10 con un SAHS moderado y un SAHS mayor que 10 con un SAHS grave [1,28]. Por lo tanto, con una clasificación en base a la gravedad del SAHS se obtendrían resultados más generalizables.

En cuanto a la metodología empleada, aunque en el trabajo desarrollado se hallan extraído parámetros a partir de diferentes metodologías, se podrían extraer más características. En este ámbito, podría ser útil aplicar nuevas técnicas espectrales como las representaciones tiempo – frecuencia y transformadas diferentes al enfoque clásico de Fourier, como la transformada de Hilbert o la transformada wavelet. También se podrían extraer otro tipo de características espectrales de la PSD de la señal de SpO₂, como entropías espectrales. Además, se debería investigar la utilidad de nuevos métodos no lineales como la auto-información mutua (*Auto-Mutual Information, AMI*), el análisis de fluctuaciones sin tendencias (*Detrended Fluctuation analysis, DFA*), la entropía en múltiples escalas (*Multiple Scales Entropy, MSE*) o la predicción no lineal. También sería interesante incluir el grupo de índices de oximetría clásicos dentro del conjunto de características de partida, y ver si aportan información complementaria, como se ha hecho en otros estudios [16-22].

Desde el punto de vista de la selección de características, en este estudio únicamente se he evaluado la metodología de selección de características bidireccional por pasos. En este sentido, sería útil estudiar la utilidad de otras metodologías de selección de características y reducción de dimensionalidad para ver si se alcanza una mayor precisión diagnóstica, como el análisis de componentes principales (*Principal Component analysis, PCA*) o los algoritmos genéticos (*Genetic Algorithms, Gas*) empleados en el diagnóstico del SAHS en adultos [97]. Además, en este trabajo sólo se han aplicado los clasificadores LDA y LR, por lo que sería interesante la inclusión de otros clasificadores, como redes neuronales, clasificadores bayesianos, árboles de decisión o máquinas vector soporte (*Support Vector Machine, SVM*).

La última limitación encontrada en relación con el presente estudio se refiere al hecho de que se ha realizado el análisis de una única señal, la de SpO₂. En este contexto, sería interesante evaluar si los registros de diferente naturaleza, como la propia señal de SpO₂, el ECG, el flujo aéreo o la señal de PPG proporcionan información complementaria entre sí, como se ha realizado en el estudio desarrollado por *Cohen et. al.* [22]. Especialmente relevante sería el estudio conjunto de la señal de SpO₂ y la frecuencia cardiaca (*Heart Rate, HR*), ya que ambas proceden de la oximetría, como se ha hecho en otros estudios [98,99].

Capítulo VIII: CONCLUSIONES

8.1 INTRODUCCIÓN

Con la realización de este TFG se pretende evaluar la capacidad diagnóstica de los registros de SpO₂ procedentes de la oximetría nocturna a la hora de diferenciar entre enfermos de SAHS y sujetos de control en niños. Para ello se han evaluado distintas técnicas de procesado de señal a la hora de realizar el diagnóstico del SAHS.

Para llevar a cabo el trabajo se ha contado con 50 registros de SpO₂ realizados durante la PR en el domicilio del paciente. La muestra se compone de niños de ambos sexos de 3 a 13 años con signos y síntomas de padecimiento de SAHS. Tras el análisis de la PSG estándar por los especialistas, 26 niños resultaron ser SAHS positivo y 24 SAHS negativo.

La metodología desarrollada en el estudio se ha realizado en tres etapas: extracción de características, selección y clasificación de características. En la primera fase se han aplicado técnicas de carácter estadístico, espectral y no lineal para obtener diferentes parámetros de diferente naturaleza que permitan caracterizar a la señal de SpO₂. En las fases de selección y clasificación de características se ha llevado a cabo una selección de características bidireccional por pasos para construir los modelos LDA y LR con aquellas variables que aporten información complementaria.

Posteriormente, para evaluar la capacidad diagnóstica tanto de las características individuales como de los modelos LDA y LR construidos en la fase de selección de características, se ha realizado un análisis estadístico mediante la construcción de curvas ROC y el cálculo de parámetros asociados, como la sensibilidad, especificidad, precisión y AROC. A la hora de hacer el análisis estadístico se ha empleado la técnica de validación cruzada dejando uno fuera con el fin de otorgar mayor generalización y validez a los resultados obtenidos.

Finalmente, se ha desarrollado una herramienta software mediante Matlab® que recoge toda la metodología empleada en el presente TFG y con la que se han hecho diferentes pruebas a la hora de determinar la configuración óptima de algunos métodos de procesado.

En el *apartado 8.2* se detallan las contribuciones aportadas por el análisis de los registros de SpO₂ desarrollado en el presente TFG al contexto del diagnóstico del SAHS infantil. De la misma forma, en el *apartado 8.3* se citan las conclusiones alcanzadas en este estudio y en el *apartado 8.4* se explican las posibles líneas de investigación futuras que podrían seguirse con el objetivo de continuar y completar este trabajo.

8.2 CONTRIBUCIONES

La principal aportación de la investigación realizada en este TFG ha sido el desarrollo de una metodología automática de análisis de la señal de SpO₂ procedente de la oximetría nocturna en el domicilio del paciente para la ayuda al diagnóstico del SAHS infantil. La metodología desarrollada consta de diferentes etapas tras las que se ha conseguido generar un subconjunto óptimo de características que maximiza la precisión diagnóstica alcanzada. Se ha creado un conjunto de características de diferente naturaleza, procedente del uso de distintas técnicas de procesamiento de señal aplicadas a los registros de SpO₂, de modo que se extraiga la mayor cantidad de información posible de esta señal. Muchos de los métodos aplicados no han sido empleados previamente en el análisis de registros de SpO₂ en el contexto de la ayuda al diagnóstico del SAHS infantil.

A continuación, se citan las aportaciones originales que se derivan de este trabajo:

- En la etapa de extracción de características, la determinación de la banda de interés se ha realizado hallando la región del espectro en la que había diferencias más significativas entre las PSD correspondientes a ambos grupos de población. En el único estudio en el que anteriormente se habían hallado características espectrales de la señal de SpO₂, *Garde et al.* [19], se elige la banda de interés entre 0.01-0.05 Hz pero no se describe por qué se ha seleccionado esa banda.
- La aplicación de métodos no lineales es una de las principales contribuciones de este TFG. Con estas técnicas de procesamiento se ha capturado información contenida en los registros que no se detecta con el análisis espectral, como la complejidad, irregularidad y variabilidad de los registros. Este tipo de análisis ha sido empleado en el estudio desarrollado por *Deng et al.* [10] que emplea la señal del ECG en la ayuda al diagnóstico del SAHS infantil, pero, sin embargo, no se han empleado estas técnicas en ningún estudio previo dentro del marco del diagnóstico del SAHS infantil mediante la señal de SpO₂.
- En la etapa de selección de características se ha desarrollado una selección de características bidireccional por pasos mediante LR y LDA con el fin de hallar subconjuntos óptimos de características en los que las características aporten información complementaria y de este modo se incremente el rendimiento diagnóstico. Otros estudios han realizado la clasificación con LDA a partir de características de la señal de SpO₂ [19, 21, 22]. Sin embargo, solamente un estudio ha utilizado LR, que es con el clasificador con el que se han obtenido mejores resultados en el presente TFG.

8.3 CONCLUSIONES

Las conclusiones obtenidas tras llevar a cabo este TFG se muestran en los siguientes puntos:

- Los métodos de procesado de señal de diferente naturaleza (estadísticos, espectrales y no lineales) proporcionan información complementaria sobre los efectos que producen los eventos de apnea en la señal de SpO_2 y permiten caracterizar el comportamiento de esta señal.
- Los eventos de apnea típicos del SAHS provocan desaturaciones en la señal de SpO_2 que hacen que las señales de los sujetos con SAHS presenten mayor variabilidad, complejidad e irregularidad. Además, estos eventos también introducen una componente periódica en los registros que hace que las características espectrales de la señal recojan esta información.
- La mayor potencia de la señal de SpO_2 en niños se encuentra en la región de bajas frecuencias. Se he encontrado una región a muy bajas frecuencias [0.03662-0.1465] Hz en la que las diferencias significativas entre grupos diagnósticos se maximizan. Esta banda está relacionada con la duración mínima de los eventos de apnea infantil: 2 ciclos respiratorios (6 segundos).
- La evaluación diagnóstica individual de los métodos de extracción de características muestra que los métodos con capacidad diagnóstica buena ($AROC > 0.800$) son aquellas que recogen la variabilidad provocada por los eventos de apnea/hipopnea ($M2t$ y CTM) y la componente periódica asociada a estos ceses respiratorios ($M1f$, $M2f$, PA y P_T).
- La selección de características bidireccional por pasos mediante LDA selecciona las características $M1t$ y $SampEn$. Los resultados obtenidos no mejoran la precisión y $AROC$ alcanzadas con las características individuales, ya que la distribución de los datos no es normal y homocedástica y la frontera que separa a la distribución de las características para los grupos SAHS positivo y SAHS negativo puede que no se ajuste estrictamente a una recta, como supone LDA.
- La selección de características bidireccional por pasos mediante LR selecciona las características $M1t$, PA y LZC . Con este subconjunto de características se superan tanto en precisión como en $AROC$ los valores obtenidos por las características individuales y los resultados alcanzados con LDA.

- Las variables seleccionadas con LR sintetizan las principales características de los eventos de apnea: frecuencia y variabilidad. *PA* cuantifica el comportamiento repetitivo de las desaturaciones debido a los eventos de apnea, mientras *LZC* representa la complejidad que introducen dichos eventos en el registro nocturno de SpO₂ de los pacientes de SAHS y *MIt* cuantifica la tendencia central de los datos, que deriva hacia valores más pequeños en los pacientes SAHS positivo debido a las desaturaciones.
- Los mejores resultados diagnósticos alcanzados en este estudio corresponden a la selección de características y clasificación con LR. Se consigue una sensibilidad del 80.77%, una especificidad del 87.5%, una precisión del 84% y un *AROC* de 0.8798.

Finalmente, es posible concluir que la señal de SpO₂ aporta información útil en la ayuda al diagnóstico del SAHS en niños. Además, el modelo LR construido a partir de la selección de características bidireccional por pasos del espacio de características individuales mejora el rendimiento de los propios parámetros considerados de manera individual. Tras comparar los resultados alcanzados con los de otros estudios publicados dentro del mismo contexto, se puede concluir que el presente estudio contribuye a aumentar el conocimiento sobre la señal de SpO₂ en la ayuda al diagnóstico del SAHS infantil.

8.4 LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN FUTURAS

Tanto las contribuciones y conclusiones ofrecidas como las limitaciones extraídas de este TFM sugieren una serie de posibles líneas futuras de investigación.

El tamaño de la base de datos es uno de los aspectos que se puede mejorar en futuros estudios. En este estudio se ha empleado una base de 50 sujetos, y para dar mayor generalización convendría disponer de una base de datos bastante más amplia, lo cual nos permitiría dividir los datos en grupo de entrenamiento y grupo de test, para poder así validar los resultados con el grupo de test a partir de los parámetros de los métodos obtenidos en el grupo de entrenamiento.

Una contribución novedosa respecto al trabajo desarrollado sería el estudio en profundidad de grupos de sujetos por el grado de severidad de la enfermedad. En este sentido, algunos estudios realizan una clasificación del grado de padecimiento de la enfermedad en función del valor del AHI, asociando un AHI menor que 1 al no padecimiento de SAHS, un AHI entre 1 y 5 con un SAHS leve, un AHI entre 5 y 10 con un SAHS moderado y un AHI mayor que 10 con un SAHS grave [1,28].

En cuanto a la metodología empleada, sería interesante ampliar en trabajos posteriores el conjunto de características extraídas de la señal de SpO₂ para incrementar la información extraída de la señal. Podría ser útil aplicar nuevas

técnicas espectrales como las representaciones tiempo – frecuencia y transformadas diferentes al enfoque clásico de Fourier, como la transformada de Hilbert o la transformada wavelet. También se podrían extraer otro tipo de características espectrales de la PSD de la señal de SpO₂, como entropías espectrales. En este contexto, se debería investigar la utilidad de nuevos métodos no lineales como la auto-información mutua (*Auto-Mutual Information, AMI*), el análisis de fluctuaciones sin tendencias (*Detrended Fluctuation analysis, DFA*), la entropía en múltiples escalas (*Multiple Scales Entropy, MSE*) o la predicción no lineal. También sería interesante incluir el grupo de índices de oximetría clásicos dentro del conjunto de características de partida, y ver si aportan información complementaria, como se ha hecho en otros estudios [16-22].

Desde el punto de vista de la selección de características, los resultados alcanzados en este trabajo han demostrado que la implementación de una etapa de selección de parámetros previa a la clasificación mejora significativamente el rendimiento del clasificador dentro del contexto de la ayuda al diagnóstico del SAHS. Por lo tanto, sería útil estudiar la utilidad de otras metodologías de selección de características y reducción de dimensionalidad, como el análisis de componentes principales (*Principal Component analysis, PCA*) o los algoritmos genéticos (*Genetic Algorithms, GA*) empleados previamente en el diagnóstico del SAHS en adultos [97]. También sería interesante la evaluación de otros clasificadores, como clasificadores bayesianos, árboles de decisión, redes neuronales o SVM.

Finalmente, sería muy interesante evaluar la utilidad del análisis conjunto de la señal de SpO₂ y de otros registros procedentes de la PSG nocturna. Especialmente relevante sería el estudio conjunto de la señal de SpO₂ y la frecuencia cardíaca (*Heart Rate, HR*), ya que ambas proceden de la oximetría, como se ha hecho en otros estudios [98,99]. Según los distintos tipos de registros biomédicos analizados en otros estudios dentro del marco de la ayuda al diagnóstico del SAHS infantil [6-15], sería interesante evaluar si los registros de diferente naturaleza, como la propia señal de SpO₂, el ECG, el flujo aéreo o la señal de PPG, proporcionan información complementaria entre sí, como se ha realizado en el estudio desarrollado por *Cohen et. al.* [22].

BIBLIOGRAFÍA

- [1] M. L. Alonso-Álvarez, T. Canet, M. Cubell-Alarco, E. Estivill, E. Fernández Julian, D. Gozal, M.J. Jurado-Luque, M.A. Lluch-Roselló, F.Martínez-Peréz, M. Merino-Andreu, G. Pin-Arboledas, N. Roure, F. X. Sanmarti, O. Sans-Capdevila , y F. Segarra-Isern, M. Tomás-Vila, J. Terán-Santos. “Documento de consenso del síndrome de apneas-hipopneas durante el sueño en niños,” *Archivos de Bronconeumología*, vol. 47, pp. 2-18, 2011.
- [2] G. M. Nixon, A. S. Kernack ,G. Michael Davis, J.J. Manoukian, K. A. Brown, and R. T. Brouillette . “Planning Adenotonsillectomy in children With Obstructive Sleep Apnea: The Role of Overnight Oximetry,” *Pediatrics*, vol. 113, pp. 19-25, 2004.
- [3] J. C. Lumeng, and R. D. Chervin, “Epidemiology of Pediatric Obstructive Sleep Apnea,” *Proceedings of the American Thoracic Society*, vol. 5, pp. 242–252, 2008.
- [4] Carole L. Marcus, L.J. Brooks, S. D. Ward, K.A. Draper, D. Gozal, A.C. Halbower, J. Jones, c. Lehmann, M. S. Schechter, S. Sheldon, r. N. Shiffman, and K. Spruyt, “Diagnosis and Management of Childhood Obstructive Sleep Apnea Syndrome,” *Pediatrics*, vol. 130, pp. 714–755, 2012.
- [5] N. Netzer, A.H. Eliasson, C. Netzer, and D. A. Kristo, “Overnight Pulse Oximetry for Sleep Disordered Breathing in Adults,” *Chest*, vol. 120, pp. 625-633, 2001.
- [6] L. Zapanta, C.S. Poon, D.P. White, C.L. Marcus, and E.S.Katz, “Heart rate chaos in obstructive sleep apnea in children,” *Engineering in Medicine and Biology Society, 2004. IEMBS'04. 26th Annual International Conference of the IEEE*, vol. 2, pp. 3889-3892, 2004.
- [7] R.B. Shouldice, L.M. O'Brien,C. O'Brien, P.de Chazal, D: Gozal, C. Heneghan, “Detection of Obstructive Sleep Apnea in Pediatric Subjects using Surface Lead Electrocardiogram Features,” *Sleep*, vol. 27, pp. 784-792, 2004.
- [8] Y. Pu; R. P.Patterson, M. A. CramerBornemann., “Nocturnal Cardio-Respiratory Indices - A Novel Screening Tool for Pediatric Obstructive Sleep Disordered Breathing,” *Engineering in Medicine and Biology Society, 2005.IEEE-EMBS 27th Annual International Conference of the IEEE* , pp.2575,2578, 17-18 2006.

- [9] Z. Lin; M. C. K. Khoo, M. L. Chen.; T. G. Keens, and S. L. Davidson Ward, “Noninvasive Assessment of Cardiovascular Autonomic Control in Pediatric Obstructive Sleep Apnea Syndrome,” *Engineering in Medicine and Biology Society, 2005.IEEE-EMBS 27th Annual International Conference of the IEEE* , pp.776-779, 17-18 2006.
- [10] Z. D. Deng, C. S. Poon, N. M. Arzeno, and E. S. Katz, “Heart rate variability in pediatric obstructive sleep apnea,” *Engineering in Medicine and Biology Society, 2006.IEEE-EMBS 28th Annual International Conference of the IEEE*, pp. 3565-3568, 2006
- [11] E.Gil, V. Monasterio, P. Laguna, and J.M.Vergara, J. M, “Pulse photoplethysmography amplitude decrease detector for sleep apnea evaluation in children,” *Engineering in Medicine and Biology Society, 2005.IEEE-EMBS 27th Annual International Conference of the IEEE* , pp. 2743-2746, 2006
- [12] E. Gil, M. Mendez, J. M. Vergara, S. Cerutti, A. M. Bianchi, and P. Laguna, “Discrimination of Sleep-Apnea-Related Decreases in the Amplitude Fluctuations of PPG Signal in Children by HRV Analysis,” *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol.56, pp.1005-1014, 2009
- [13] E. Gil, R. Bailon, J. M. Vergara, and P. Laguna, “PTT Variability for Discrimination of Sleep Apnea Related Decreases in the Amplitude Fluctuations of PPG Signal in Children,” *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol.57, pp.1079-1088, 2010.
- [14] L. M. Sepulveda-Cano, E. Gil, P. Laguna, and G. Castellanos-Domínguez, “Sleep apnoea detection in children using PPG envelope-based dynamic features,” *Engineering in Medicine and Biology Society, EMBC, 2011 Annual International Conference of the IEEE* , pp.1483-1486, 2011.
- [15] J. Lazaro, E. Gil, J. M. Vergara, P. Laguna, “Pulse Rate Variability Analysis for Discrimination of Sleep-Apnea-Related Decreases in the Amplitude Fluctuations of Pulse Photoplethysmographic Signal in Children,” *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics*, vol.18, pp.240-246, 2014.
- [16] V. G.Kirk, S. G. Bohn, W. W. Flemons, and J. E. Remmers, “Comparison of home oximetry monitoring with laboratory polysomnography in children,” *CHEST Journal*, vol 124, pp. 1702-1708, 2003.
- [17] D. G. Mason, K. Iyer, P. I. Terrill, S. J. Wilson, and S. Suresh, “Pediatric Obstructive Sleep Apnea assessment using pulse oximetry and dual RIP bands,” *Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC), 2010 Annual International Conference of the IEEE* , pp.6154-6157, 2010.
- [18] L. Chang, J. Wu, and L. Cao, “Combination of symptoms and oxygen desaturation index in predicting childhood obstructive sleep

- apnea,” *International journal of pediatric otorhinolaryngology*, vol 77, pp. 365-371, 2013.
- [19] A. Garde, W. Karlen, P. Dehkordi, D. Wensley, J. M. Ansermino, and G.A. Dumont, “Oxygen saturation in children with and without obstructive sleep apnea using the phone-oximeter,” *Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC), 2013 35th Annual International Conference of the IEEE* , pp.2531-2534, 2013.
- [20] C. M. Tsai, C. H. Kang, M. C. Su, H. C. Lin, E. Y. Huang, C. C. Chen, J. C. Hung, C. K. Niu, D. L. Liao, and H. R. Yu, “Usefulness of desaturation index for the assessment of obstructive sleep apnea syndrome in children,” *International Journal of Pediatric Otorhinolaryngology*, vol 77, pp. 1286-1290, 2013.
- [21] G. Cohen, P. de Chazal, “Automated detection of sleep apnea in infants using minimally invasive sensors,” *Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC), 2013 35th Annual International Conference of the IEEE* , pp.1652-1655, 2013
- [22] G. Cohen, P. de Chazal, “Detection of sleep apnoea in infants using ECG and oximetry signals,” *Computing in Cardiology Conference (CinC)*, pp.859-862, 2013.
- [23] S. Haykin, “Neural networks expand SP’s horizons,” *IEEE Signal Processing Magazine*, vol. 13(2), pp. 24–49, 1996.
- [24] M.L. Alonso Álvarez, J. Terán-Santos, J. A. Cordero Guevara , A. I. Navazo Egüia, E. Ordax Carbajo, J. F. Masa Jiménez, y R. Pelayo. “Fiabilidad de la poligrafía respiratoria para el diagnóstico del síndrome de apneas-hipopneas durante el sueño en niños,” *Archivos de Bronconeumología*, vol. 44, pp. 22-28, 2008.
- [25] A. J. Lipton, D. Gozal. “Treatment of obstructive sleep apnea in children: do we really know how?,” *Sleep Medicine Reviews*, vol. 7, pp. 61-80, 2003.
- [26] N. Traeger, B. Schulz, A.N. Pollock, T. Mason, C.L. Marcus, and R. Arens. “Polysomnographic values in children 2-9 years old: Additional data and review of the literature,” *Pediatric Pulmonology*, vol. 40, pp. 22-30, 2005.
- [27] J.L. Álvarez-Sala Walther, M. Calle Rubio, J.M. Fernández Sánchez-Alarcos, R. Martínez Cruz, y J.L. Rodríguez Hermosa, “Apnea obstructiva del sueño,” *Información Terapéutica del Sistema Nacional de Salud*, vol. 23, pp. 121–131, 1999.
- [28] H. L. Tan, D. Gozal, H.M. Ramirez, H.P. Bandla, and L. Kheirandish-Gozal, “Overnight Polysomnography versus Respiratory Polygraphy in the Diagnosis of Pediatric Obstructive Sleep Apnea,” *Sleep*, vol. 37, pp. 255-260, 2014.

- [29] R.B. Berry, R. Budhiraja, D. J. Gottlieb, D. Gozal, C. Iber, V.K. Kapur, C. L. Marcus, R. Mehra, S. Parthasarathy, S. F. Quan, S. Redline, K. P. Strohl, S. L. Davidson Ward, M. M. Tangredi, “Rules for Scoring Respiratory Events in Sleep: Update of the 2007 AASM Manual for the Scoring of Sleep And Associated Events,” *Journal of Clinical Sleep Medicine*, vol. 8, pp. 597-619, 2012.
- [30] P. Nieminen , T. Lopponen , U. Tolonen , P. Lanning , M. Knip , and H. Lopponen, “Growth and biochemical markers of growth in children with snoring and obstructive sleep apnea,” *Pediatrics*, vol 109, p.e55-e55, 2002.
- [31] R. B. Mitchell, J. Kelly, “Behavior, neurocognition and quality-of-life in children with sleep-disordered breathing,” *International Journal of Pediatric Otorhinolaryngology*;vol 70, pp. 395-406, 2006.
- [32] O. Sans-Capdevila , and D. Gozal, “Consecuencias neurobiológicas del síndrome de apnea del sueño infantil,” *Rev Neurol.* ; vol 47, pp. 659-64, 2008.
- [33] J. L. Goodwin, P. L. Enright, K. L. Kaemingk, G.M. Rosen, W. J. Morgan , and R.F. Fregosi, “Feasibility of using unattended polysomnography in children for research-report of the Tucson Children’s Assessment of Sleep Apnea Study (TuCASA),” *Sleep*, vol 24, pp. 937-946, 2001.
- [34] M. Friedman, M. Wilson, H. C. Lin, H. W. Chang, “Updated systematic review of tonsillectomy and adenoidectomy for treatment of pediatric obstructive sleep apnea/ hypopnea syndrome,” *Otolaryngology-Head and Neck Surgery*, vol 140, pp. 800-808, 2009.
- [35] J. Lim, M. C. McKean, “Adenotonsillectomy for obstructive sleep apnoea in children [Review],” *Cochrane Database Syst Rev*, vol 2 , 2009.
- [36] R. Bhattacharjee, L. Kheirandish-Gozal , K. Spruyt, R. B. Mitchell, J. Promchiarak , N. Simakajornboon, A. G. Kaditis, D. Splaingard, M. Splaingrad, L. J. Brooks, C. L. Marcus, S. Sin, R. Arens, S. L. Verhulst, D. Gozal, “Adenotonsillectomy outcomes in treatment of OSA in children: A multicenter retrospective study,” *American journal of respiratory and critical care medicine*, vol 182, pp. 676-83, 2010.

- [37] C. L. Marcus , G. Rosen, S. L. D. Ward, A. C. Halbower, L. sterni, J. Lutz, and N. Gordon, “Adherence to and effectiveness of positive airway pressure therapy in children with obstructive sleep apnea,” *Pediatrics*, vol 117, pp. 442-51, 2006.
- [38] Positive Airway Pressure Titration Task Force of the American Academy of Sleep Medicine, “Clinical Guidelines for manual titration of positive airway pressure in patients with obstructive sleep apnea,”. *Journal of clinical sleep medicine*, vol 4, pp. 157-71., 2008.
- [39] E. Fung, D. Cave , M. Witmans , K. Gan , and H. El-Hakim, “Postoperative respiratory complications and recovery in obese children following adenotonsillectomy for sleep disordered breathing :a case-control study,” *Otolaryngology-Head and Neck Surgery*, vol 142, pp.898-905, 2010.
- [40] L. Zhang , R. A. Mendoza–suazi, J. A. Cesar , N.K. Chadha, “Intranasal corticosteroids for nasal airway obstruction in children with moderate to severe adenoidal hypertrophy,” *Cochrane Database Syst Rev*, vol 16, 2008.
- [41] C. Guilleminault , P. J. Monteyrol , N. T. Huynh , P. Pirelli , S. Quo , and K. Li, “Adeno-tonsillectomy and rapid maxillary distraction in pre-pubertal children, a pilot study,” *Sleep and Breathing*. Vol 15, pp. 173-177, 2011.
- [42] Consenso Nacional sobre el Síndrome de Apneas-Hipopneas del sueño. Grupo Español de Sueño (GES), “El SAHS en la edad pediátrica. Clínica, diagnóstico y tratamiento,” *Archivos de Bronconeumología*. vol 41, pp.81-101, 2005
- [43] G. Zonios, U Shankar, and V. K. Iyer, “Pulse oximetry theory and calibration for low saturations,” *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol 51, pp. 818 – 822, 2004.
- [44] A. Rechtschaffen, and A. Kales, “A manual of standardized terminology, techniques and scoring system for sleep stages of human subjects,” Washington, DC: US Government Printing Office, Public Health Service; 1968.

- [45] “EEG arousals: scoring rules and examples: a preliminary report from the Sleep Disorders Atlas Task Force of the American Sleep Disorders Association.” *Sleep*, vol 15, pp. 173-84, 1992.
- [46] American Thoracic Society, “Cardiorespiratory sleep studies in children. Establishment of normative data and polysomnographic predictors of morbidity,” *American Journal of Respiratory and Critical Care Medicine*, vol 160, pp. 1381-1387, 1999.
- [47] American Thoracic Society, “Standards and indications for cardiopulmonary sleep studies in children,” *American Journal of Respiratory and Critical Care Medicine*. vol 153, pp. 866-878, 1996.
- [48] R. di Francesco, R. Monteiro, M. L. de Melo Paulo, F. Buranello, and R. Imamura, “Craniofacial morphology and sleep apnea in children with obstructed airways: Differences between genders,” *Sleep Medicine*, vol 13, pp. 616–620, 2012.
- [49] M. Laborde, “Medida de la Saturación de Oxígeno por Medio Óptico,”. XIII *Seminario de Ingeniería Biomédica. Facultades de Medicina e Ingeniería. Universidad de la República Oriental del Uruguay*, 2004. Disponible en: <http://www.nib.fmed.edu.uy/laborde.pdf> .
- [50] F. M. Coetzee, and Z. Elghazzawi, “Noise-resistant pulse oximetry using synthetic reference signal,”. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol 47, pp. 1018 – 1026, 2000.
- [51] P. D. Welch, “The Use of Fast Fourier Transform for the Estimation of Power Spectra: A Method Based on time Averaging Over Short, Modified Periodograms,” *IEEE Transactions on Audio Electroacoustics*, vol. AU-15 pp. 70-73, 1967.
- [52] J. D. Jobson, *Applied Multivariate Data Analysis. Volume I: Regression and Experimental Design*. Springer-Verlag, New York, 1991.
- [53] D. Álvarez, R. Hornero, J. V. Marcos, and F. del Campo, “Multivariate analysis of blood oxygen saturation recordings in obstructive sleep apnea diagnosis,” *IEEE Trans. Biomed. Eng.*, vol 57, pp. 2816 – 2824, 2010.
- [54] S. Haykin, “Neural networks expand SP’s horizons,” *IEEE Signal Processing Magazine*, vol. 13, pp. 24–49, 1996.

- [55] E. D. Übeyli, and I. Güler, “Comparison of eigenvector methods with classical and model-based methods in analysis of internal carotid arterial Doppler signals,” *Computers in Biology and Medicine*, vol. 33 pp. 473-493, 2003.
- [56] M. E. Cohen, and D. L. Hudson, “New Chaotic Methods for Biomedical Signal Analysis,” *Proceedings of the 2000 IEEE EMBS International Conference on Information Technology Applications in Biomedicine*, Arlington USA, pp. 123–128, 2000.
- [57] D. Abásolo, R. Hornero, P. Espino, D. Álvarez, and J. Poza, “Entropy analysis of the EEG background activity in Alzheimer’s disease patients,” *Physiological Measurement*, vol. 27, pp. 241-253, 2006.
- [58] J. Escudero, D. Abásolo, R. Hornero, P. Espino, and M. López, “Analysis of electroencephalograms in Alzheimer's disease patients with multiscale entropy,” *Physiological Measurement*, vol. 27, pp. 1091-1106, 2006.
- [59] D. Abásolo, R. Hornero, and P. Espino, “Approximate entropy of EEG background activity in Alzheimer's disease patients,” *Intelligent Automation and Soft Computing*, vol 15, pp. 591-603, 2009.
- [60] C. Gómez, R. Hornero, D. Abásolo, A. Fernández, and M. López, “Complexity analysis of the magnetoencephalogram background activity in Alzheimer's disease patients,” *Medical Engineering and Physics*, vol. 28, pp. 851-859, 2006.
- [61] C. Gómez, R. Hornero, D. Abásolo, A. Fernández, and J. Escudero, “Analysis of MEG background activity in Alzheimer's disease using non-linear methods and ANFIS,” *Annals of Biomedical Engineering*, vol. 37, pp. 586-594, 2009.
- [62] R. Hornero, D. Abásolo, J. Escudero, and Carlos Gómez, “Non-linear analysis of EEG and MEG in patients with Alzheimer’s disease,” *Philosophical Transactions of the Royal Society A Journal*, vol. 367, pp. 317-336, 2009.
- [63] M. Costa, A.L. Goldberger, and C. K. Peng, “Multiscale Entropy Analysis of Biological Signals,” *Physical Review*, vol. 71, pp. 021906-1–021906-18, 2005.
- [64] D. Alvarez, R. Hornero, D. Abásolo, F. Del Campo, and C. Zamarrón, (2006), “Nonlinear characteristics of blood oxygen saturation from nocturnal oximetry for obstructive sleep apnoea detection,” *Physiological Measurement*, vol 27, pp. 399-412, 2006.

- [65] D. Álvarez, R. Hornero, M. García, F. Del Campo, and C. Zamarrón , “Improving diagnostic ability of blood oxygen saturation from overnight pulse oximetry in obstructive sleep apnea detection by means of central tendency measure,” *Artificial intelligence in medicine*, vol 41, pp. 13-24, 2007.
- [66] J.V. Marcos, R. Hornero, D. Álvarez, F. Del Campo, and M. Aboy, “Automated detection of obstructive sleep apnoea syndrome from oxygen saturation recordings using linear discriminant analysis,” *Medical and biological engineering and computing*, vol 48, pp. 895-902, 2010.
- [67] L.A. Aguirre, V. C. Barros, and À. V. Souza, “Nonlinear multivariable modeling and analysis of sleep apnea time series” *Computers in Biology and Medicine*, vol 29, pp. 207-228, 1999.
- [68] F. Del Campo, R. Hornero, C. Zamarrón, D. E. Abasolo, and D. Álvarez, “Oxygen saturation regularity analysis in the diagnosis of obstructive sleep apnea,” *Artificial intelligence in medicine*, vol 37, pp. 111-118, 2006.
- [69] R. Hornero, D. Alvarez, D. Abásolo, F. Del Campo, and C. Zamarrón, “Utility of approximate entropy from overnight pulse oximetry data in the diagnosis of the obstructive sleep apnea syndrome,” *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, , vol 54, pp. 107-113, 2007.
- [70] M. E. Cohen, and D. L. Hudson, and P. C. Deedwania, “Applying continuous chaotic modeling to cardiac signals analysis,” *IEEE Engineering in Medicine and Biology*, vol 15, pp. 97–102, 1996.
- [71] R. Hornero, A. Alonso, N. Jimeno, A. Jimeno, and M. López, “Nonlinear analysis of time series generated by schizophrenic patients” *IEEE Engineering in Medicine and Biology*, vol 18, pp. 84–90, 1999.
- [72] J. S. Richman, and J. R. Moorman, “Physiological time-series analysis using approximate entropy and sample entropy,” *American Journal of Physiology (Heart Circulatory Physiology)*, vol 274, pp. 2039–2049, 2000.
- [73] S. M. Pincus, “Approximate Entropy as a measure of system complexity,” *Proceedings of the National Academy of sciences, USA*, vol. 88, pp. 2297-2301, 1991.
- [74] S. M. Pincus, “Assessing serial irregularity and its implications in health,” *Annals of New York Academy of Sciences*, vol. 954, pp. 245-267, 2001.
- [75] A. Lempel, J. Ziv, “On the complexity of finite sequences,” *IEEE Transactions on Information Theory*, vol. 22 pp. 75-81, 1976.
- [76] D. Abásolo, R. Hornero, C. Gómez, M. García, and M. López, “Analysis of EEG background activity in Alzheimer’s disease patients with Lempel-Ziv

- complexity and Central Tendency Measure,” *Medical Engineering and Physics*, vol. 28(4), pp. 315–322, 2006.
- [77] M. Aboy, R. Hornero, D. Abásolo, and D.Álvarez, “Interpretation of the Lempel-Ziv complexity measure in the context of biomedical signal analysis,” *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 53, pp. 2282-2288, 2006.
- [78] R. Nagarajan, “Quantifying physiological data with Lempel–Ziv complexity—Certain issues,” *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol.49, pp. 1371–1373, 2002.
- [79] I. Guyon, and A. Elisseeff, “An introduction to variable and feature selection,” *Journal of Machine Learning Research*, vol 3, pp. 1157 – 1182, 2003.
- [80] G. P. Zhang, “Neural networks for classification: a survey,” *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics, Part C*, vol 30, pp. 451–462, 2000.
- [81] C. M. Bishop, “Neural networks for pattern recognition,” *Oxford University Press, Oxford, UK*, 1995.
- [82] R. Kohavi, and G. John, “Wrappers for feature selection,” *Artificial Intelligence*, vol 97, pp. 273–324, 1997.
- [83] J. M. Sutter, and J. H. Kalivas, “Comparison of forward selection, backward elimination and generalized simulated annealing for variable selection,” *Microchemical Journal*, vol 47, pp. 60–66, 1993.
- [84] K. Z. Mao, “Fast orthogonal forward selection algorithm for feature subset selection,” *IEEE Transactions on Neural Networks*, vol 13, p. 1218–1224, 2002.
- [85] K. Z. Mao, “Orthogonal forward selection and backward elimination for feature subset selection,” *IEEE Transactions for systems, Man and Cybernetics – Part B: Cybernetics*, vol 34, pp. 629 – 634, 2004.
- [86] G. H. John, R. Kohavi, and K. Pfleger, “Irrelevant features and the subset selection problem,” *Machine Learning: Proceedings of the Eleventh International Conference*, pp. 121–129, 1994.
- [87] R. Caruana, and D. Freitag, “Greedy attribute selection,” *Proceedings of the Eleventh International Conference on Machine Learning (Eds. W.W. Cohen & H. Hirsh)*, New Brunswick, NJ, USA, pp. 28 – 36, 1994.
- [88] D. W. Hosmer, and S. Lemeshow, “*Applied Logistic Regression*,” John Wiley & Sons, Nueva York, 2000.

- [89] G. Sánchez, “Regresión logística. En: Luque Martínez, T. (ed) *Técnicas de análisis de datos en investigación de mercados*,” Ediciones Pirámide, Madrid, pp. 431 – 468, 2000.
- [90] J. V. Marcos, R. Hornero, D. Álvarez, F. Del Campo, M. Aboy, “Automated detection of obstructive sleep apnoea syndrome from oxygen saturation recordings using linear discriminant analysis,” *Medical and Biological Engineering and Computing*, vol 48, pp. 895-902, 2010.
- [91] J. D. Jobson, “Applied Multivariate Data Analysis. Volume II: Categorical and multivariate methods,” *Springer-Verlag*, New York, 1991.
- [92] J. H. Friedman, “Regularized discriminant analysis,” *Journal of the American statistical Association*, vol 84, pp. 165-175, 1989
- [93] E. De Ramón y O. Fernández, “Estadística para los clínicos VII.ANOVA I,” *Cuadernos de Esclerosis Múltiple*, vol. 15, pp. 2-15, 2003.
- [94] M. H. Zweig y G. Campbell, “Receiver-Operating Characteristic (ROC) Plots: A Fundamental Evaluation Tool in Clinical Medicine,” *Clinical Chemistry*, vol. 39, pp.561-577, 1993.
- [95] M. J. Burgueño, J. L. García-Bastos y J. M. González-Buitrago, “Las curvas ROC en la evaluación de las pruebas diagnósticas,” *Medicina Clínica*, vol. 104, pp.661-670, 1995.
- [96] Daniel Álvarez González, “PFC: Análisis de la saturación de oxígeno en sangre y frecuencia cardiaca para la ayuda en el diagnóstico del síndrome de la apnea obstructiva del sueño,” *E.T.S.I. de Telecomunicación. Universidad de Valladolid*. 2005.
- [97] D. Álvarez, R. Hornero, J. V. Marcos, and F. Del Campo, “Feature selection from nocturnal oximetry using genetic algorithms to assist in obstructive sleep apnoea diagnosis,” *Medical engineering and physics*, vol 34, pp. 1049-1057, 2012.
- [98] D. Álvarez, R. Hornero., M. García., F. Del Campo, M. López, and C. Zamarrón, “Applying cross approximate entropy to blood oxygen saturation and heart rate from nocturnal oximetry in screening for obstructive sleep apnea,” *Encyclopedia of Healthcare Information Systems. Nilmini Wickramasinghe and Eliezer Geisler, IGI Global Eds., USA*, pp. 74 – 83, 2008.
- [99] D. Álvarez, R. Hornero, D. Abásolo, F. Del Campo, C. Zamarrón, and M. López, “Nonlinear measure of synchrony between blood oxygen saturation

and heart rate from nocturnal pulse oximetry in obstructive sleep apnoea syndrome,” *Physiological Measurement*, vol 30, pp. 967 – 982, 2009.

Apéndice A: LISTADO DE CÓDIGO

A continuación, se recoge el código de algunas de las funciones desarrolladas durante la programación de la herramienta *software*. Han sido seleccionadas las consideradas más representativas del funcionamiento de la aplicación, desde la carga de registros, pasando por los métodos de procesado y representación gráfica, hasta el almacenamiento de resultados.

A.1 Carga de datos

A.1.1 cargar_controles.m

```
% cargar_controles      %Script para cargar los registros del
                        %directorio de controles

% Última modificación: 13 de Junio de 2014

% TFG: 'Análisis de la saturación de oxígeno en sangre para la ayuda
% al diagnóstico del Síndrome de Apnea-hipopnea del Sueño en
% niños'

global Matriz_control%La matriz de controles, en la que se van a
añadir
                        %los registros según se vayan cargando

global fil_c%Número de filas de la matriz de controles, es decir, el
número
                        % de registros que hay cargados
global col_c%Número de columnas de la matriz de controles,

t = [];

%Se lanza la ventana de selección de directorios
antiguo_path = pwd;
[filename, pathname] = uigetfile('*.dat', 'Selecciona el
directorio de controles');

%Si el usuario ha introducido un algún fichero se comienza
la
%carga del directorio al que pertenece ese fichero
if(~(isequal(filename,0)|isequal(pathname,0)))

    cd(antiguo_path);
```

```

%Se indica en la lista de controles de la interfaz que
se
%está cargando
texto = ['SAHS negativos: Cargando ...'];
set(handles.text7, 'String', texto);

cd(pathname(1,1:length(pathname)-1));
d=dir;
long=length(d(:));

%Cogemos tramas de un minuto
Fs= 100;
Matriz_control = [];
Np=0;

for a=3:long
    cd(pathname(1,1:length(pathname)-1));
    n=d(a,1).name(:);

    if isdir(n)~=1&&(n(1)~='.')
        Np=Np+1;

        %Se cargan los registros uno a uno, se les
quita
        %los artefactos y se les añade a la matriz de
        %controles
        nombre_sujeto = n';
        sujeto = load(n);
        cd(antiguo_path);

        numero1 = num2str(a-2);
        numero2 = num2str(long-2);

        sujeto=escanea2(sujeto',Fs); %script para
eliminar los artefactos
        limite = 12*3600*100;
        sujeto=[sujeto zeros(1,limite-
length(sujeto))];

        Matriz_control = [Matriz_control; sujeto];

        if (a==3)
            t = nombre_sujeto;

        else
            % Agrega el nuevo Item en la lista
            t = [t; nombre_sujeto];
        end

        %Se indica en la lista de controles de la
        %interfaz el proceso de la carga y se
añade a la lista
        %el sujeto que se está cargando
        set(handles.listbox1, 'String', t);

```

```

                                texto = ['SAHS negativos: Cargando '
numerol ' de ' numero2];
                                set(handles.text7,'String',texto);
                                drawnow

                                end
                                end
                                set(handles.listbox1, 'String', t);
                                set(handles.text7,'String','SAHS negativos ');
                                [fil_c,col_c] = size(Matriz_control);
                                end

```

A.1.2 cargar_enfermos.m

```

% cargar_enfermos      %Script para cargar los registros del directorio
                        %de enfermos

% Última modificación: 13 de Junio de 2014

% TFG: 'Análisis de la saturación de oxígeno en sangre para la ayuda
% al diagnóstico del Síndrome de Apnea-hipopnea del Sueño en
% niños'

global Matriz_SAOS%La matriz de enfermos, en la que se van a añadir
                        %los registros según se vayan cargando

global fil_s%Número de filas de la matriz de enfermos, es decir, el
número
                        % de registros que hay cargados
global col_s%Número de columnas de la matriz de enfermos,

%Se lanza la ventana de selección de directorios
antiguo_path = pwd;
t = [];

[filename, pathname] = uigetfile('*.dat', 'Selecciona el directorio de
enfermos');

%Si el usuario ha introducido un algún fichero se comienza la
%carga del directorio al que pertenece ese fichero
if(~(isequal(filename,0)|isequal(pathname,0)))

    cd(antiguo_path);
    %Se indica en la lista de controles de la interfaz que se
    %está cargando

    cd(pathname(1,1:length(pathname)-1));
    d=dir;
    long=length(d(:));

    %Cogemos tramas de un minuto

```

```

Fs= 100;

Np=0;
Matriz_SAOS = [];

for a=3:long
    cd(pathname(1,1:length(pathname)-1));
    n=d(a,1).name(:);

    if isdir(n)~=1&&(n(1)~='.')
        Np=Np+1;

        %Se cargan los registros uno a uno, se les quita
        %los artefactos y se les añade a la matriz de
        %enfermos
        nombre_sujeto = n';
        sujeto = load(n);
        cd(antiguo_path);

        numero1 = num2str(a-2);
        numero2 = num2str(long-2);

        sujeto=escanea2(sujeto',Fs);%script para eliminar los
artefactos

        limite = 12*3600*100;
        sujeto=[sujeto zeros(1,limite-length(sujeto))];

        Matriz_SAOS = [Matriz_SAOS; sujeto];

        if (a==3)
            t = nombre_sujeto;

        else
            % Agrega el nuevo Item en la lista
            t = [t; nombre_sujeto];

        end

        %Se indica en la lista de enfermos de la
        %interfaz el proceso de la carga y se añade a la
lista
        %el sujeto que se está cargando
        set(handles.listbox2, 'String', t);
        texto = ['SAHS positivos: Cargando ' numero1 ' de
' numero2];

        set(handles.text8,'String',texto);
        drawnow
        %[filas,columnas] = size(Matriz_control)
        % Muestra el nuevo Item en la lista

    end
end

```

```

end
set(handles.listbox2, 'String', t);
set(handles.text8, 'String', 'SAHS positivos ');
[fil_s,col_s] = size(Matriz_SAOS);
end

```

A.1.3. escanea2.m

```

function reg_escaneado=escanea2(registro,fs)
%
% Función que recorre/escanea el registro de saturación en busca de
% muestras perdidas y las elimina, interpolando en caso de que el
% escalón entre la muestra anterior y la posterior al segmento
% eliminado sea superior a 4, según el artículo: U. J. Magalang, J.
% Dmochowski, S.Veeramachaneni, A. Draw, M. J. Mador,
% A. El-Solh, and B. J. B.Grant,
%
% "Prediction of the apnea-hypopnea index from overnight pulse
% oximetry,"
% Chest, vol. 124, pp. 1694-1701, 2003.
%
% Valor de las muestras perdidas: Deben ser 0
%
% Argumentos de entrada:
%
% - registro:      Vector columna que contiene las muestras del
%                  registro de SpO2 original bajo estudio adquirido a
%                  una frecuencia de muestreo de fs
% - fs:           Frecuencia de muestreo del registro, especificada
%                  por el usuario
%
% Variables de salida:
%
% - reg_escaneado: Vector fila que contiene las muestras del registro
%                  de SpO2 tras eliminar los artefactos (muestras
%                  perdidas), manteniendo la frecuencia de muestreo
%                  original.
%
% Grupo de Ingeniería Biomédica
% http://www.gib.tel.uva.es
% Universidad de Valladolid
%
% Programado por: Daniel Álvarez González.
%
% Última actualización: 28/02/2014
%
% Frecuencia de muestreo

L1=length(registro);
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
% Eliminados los 5 primeros minutos de registro y los 5 últimos
registro=registro(5*60*fs:L1-5*60*fs);
% Longitud actual del registro
L=length(registro);
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%

```

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%
% Si la primera muestra del registro es nula, avanzamos hasta la
primera
% muestra no nula
i=1;
while registro(i)==0
    i=i+1;
end
% Actualizamos el registro eliminando las muestras nulas del inicio
del
% registro. Si no hay muestras nulas, i=1 y el registro permanece
inalterado
registro=registro(i:L);
L=length(registro); % Actualizamos la longitud

% Obtenemos las posiciones en las que hay muestras nulas y el número
de
% muestras nulas del registro (una vez eliminados los primeros y los
% últimos 5 minutos)
m0=find(registro==0);
Nm0=length(m0);
porcentaje_artefactos=(Nm0/(fs*3600))*100/(L/(fs*3600));
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%

% Inicializamos el registro escaneado
% La primera parte del registro escaneado coincidirá con el primer
tramo de
% muestras nos nulas del registro original (al que ya le hemos
quitados los
% primeros y los últimos 5 minutos)
if Nm0>0 % Si hay muestras nulas
    reg_escaneado=registro(1:m0(1)-1);
else % Si no hay muestras nulas, el registro escaneado será igual al
original
    reg_escaneado=registro;
end

i=1;
% Si no hay muestras nulas, Nm0=0 y no entrará aquí..
while i<Nm0
    % disp('Artefacto número: ')
    % Fijamos la primera muestra no nula anterior (extremo 1)
    ext1=registro(m0(i)-1);
    % Fijamos la primera muestra no nula posterior (extremo 2)
    % Si hay una racha de muestras nulas consecutivas (índices
    % consecutivos) avanzamos hasta la última muestra nula de la racha
    while (i+1)<=Nm0
        if (m0(i)+1)==m0(i+1)
            i=i+1;
            if i==Nm0
                break
            end
        else
            break
        end
    end
    if i<Nm0
        % disp('primer caso')
        ext2=registro(m0(i)+1);
    end
end

```

```

    % Si el escalon (diferencia entre los extremos) es mayor del
4%
    % interpolamos
    if (abs(ext1-ext2)/4)>=1
        % disp('INTERPOLA')
        % Calculamos el número de muestras a interpolar
        % Deberán ser tantas como para que los saltos entre ellas
se
        % mantengan por debajo del 4%
        l_interp=floor(abs(ext1-ext2)/4);
        yi=interp1([1 l_interp+2],[ext1 ext2],2:l_interp+1);
        % length(yi)
        % El registro escaneado contendrá las muestras
interpoladas y
        % el siguiente tramo de muestras no nulas del registro
        reg_escaneado=[reg_escaneado yi registro(m0(i)+1:m0(i+1)-
1)];
    else
        reg_escaneado=[reg_escaneado registro(m0(i)+1:m0(i+1)-1)];
    end
    i=i+1;
elseif i==Nm0 && m0(i)<L
    % disp('segundo caso')
    ext2=registro(m0(i)+1);
    % Si el escalon (diferencia entre los extremos) es mayor del
4%
    % interpolamos
    if (abs(ext1-ext2)/4)>=1
        % disp('INTERPOLA')
        % Calculamos el número de muestras a interpolar
        % Deberán ser tantas como para que los saltos entre ellas
se
        % mantengan por debajo del 4%
        l_interp=floor(abs(ext1-ext2)/4);
        yi=interp1([1 l_interp+2],[ext1 ext2],2:l_interp+1);
        % length(yi)
        % El registro escaneado contendrá las muestras
interpoladas y
        % el siguiente tramo de muestras no nulas del registro
        reg_escaneado=[reg_escaneado yi registro(m0(i)+1:L)];
    else
        reg_escaneado=[reg_escaneado registro(m0(i)+1:L)];
    end
    i=i+1;
elseif i==length(m0) && m0(i)==L
    % Si el registro acaba con una racha de muestras nulas no
hace
    % falta hacer nada porque el registro escaneado
reg_escaneado
    % ya contiene la última parte válida del registro original
end
end

% plot(1:L,registro,'b')
% % hold on
% % plot(v_zeros,zeros(1,length(v_zeros)),'r+')
% axis([0 L 0 100])
% % hold off
% figure(2)
% plot(reg_escaneado)
% % hold on

```

```
% % plot(v_interp,zeros(1,length(v_interp)),'go')
% axis([0 L 0 100])
% % hold off
%
% length(registro)
% length(reg_escaneado)
% length(registro)-Nm0
```

A.2 Pantalla Principal.m

```
% PantallaPrincipal      %Script correspondiente a la figura principal
%                        de la interfaz gráfica, en el que vienen
%                        implementadas algunas funciones como las de
%                        cálculo y representación de la evolución
%                        temporal de los registros, el histograma, la
%                        PSD o la función de guardar en archivo
%                        microsoft excel

% Última modificación: 13 de Junio de 2014

% TFG: 'Análisis de la saturación de oxígeno en sangre para la ayuda
% al diagnóstico del Síndrome de Apnea-hipopnea del Sueño en
% niños'

function varargout = PantallaPrincipal(varargin)
% PANTALLAPRINCIPAL MATLAB code for PantallaPrincipal.fig
% PANTALLAPRINCIPAL, by itself, creates a new PANTALLAPRINCIPAL
or raises the existing
% singleton*.
%
% H = PANTALLAPRINCIPAL returns the handle to a new
PANTALLAPRINCIPAL or the handle to
% the existing singleton*.
%
% PANTALLAPRINCIPAL('CALLBACK',hObject,eventData,handles,...)
calls the local
% function named CALLBACK in PANTALLAPRINCIPAL.M with the given
input arguments.
%
% PANTALLAPRINCIPAL('Property','Value',...) creates a new
PANTALLAPRINCIPAL or raises the
% existing singleton*. Starting from the left, property value
pairs are
% applied to the GUI before PantallaPrincipal_OpeningFcn gets
called. An
% unrecognized property name or invalid value makes property
application
% stop. All inputs are passed to PantallaPrincipal_OpeningFcn
via varargin.
%
% *See GUI Options on GUIDE's Tools menu. Choose "GUI allows
only one
% instance to run (singleton)".
%
% See also: GUIDE, GUIDATA, GUIHANDLES

% Edit the above text to modify the response to help PantallaPrincipal
```

```

% Last Modified by GUIDE v2.5 06-Jun-2014 13:28:47

% Begin initialization code - DO NOT EDIT
gui_Singleton = 1;
gui_State = struct('gui_Name',       mfilename, ...
                  'gui_Singleton',  gui_Singleton, ...
                  'gui_OpeningFcn', @PantallaPrincipal_OpeningFcn,
                  ...
                  'gui_OutputFcn',  @PantallaPrincipal_OutputFcn, ...
                  'gui_LayoutFcn',  [] , ...
                  'gui_Callback',    []);
if nargin && ischar(varargin{1})
    gui_State.gui_Callback = str2func(varargin{1});
end

if nargout
    [varargout{1:nargout}] = gui_mainfcn(gui_State, varargin{:});
else
    gui_mainfcn(gui_State, varargin{:});
end
% End initialization code - DO NOT EDIT

% --- Executes just before PantallaPrincipal is made visible.
function PantallaPrincipal_OpeningFcn(hObject, eventdata, handles,
varargin)
% This function has no output args, see OutputFcn.
% hObject    handle to figure
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)
% varargin   command line arguments to PantallaPrincipal (see
VARARGIN)

% Choose default command line output for PantallaPrincipal
handles.output = hObject;

% Update handles structure
guidata(hObject, handles);

clc;

global Matriz_control %Matriz donde se van a almacenar los registros
                    %correspondienets al grupo de controles
global Matriz_SAOS %Matriz donde se van a almacenar los registros
                    %correspondienets al grupo de enfermos
global Fs%Frecuencia de muestreo de los registros

global PSD_control%vector de PSD promedio de los controles
global PSD_SAOS%vector de PSD promedio de los enfermos
global ejefrecuencia%se carga el eje de frecuencias correspondiente a
las PSD promedio
global LempelZiv_completo%lempelziv de todos los registros

```

```

global SampEn_completo%entropia muestral de todos los registros
global hist_control%histograma promedio de controles
global hist_saos%histograma promedio de enfermos
global eje_saos%eje del histograma de enfermos
global eje%eje del histograma de controles
global Matriz_Parametros%Matriz con los parámetros extraídos de los
métodos de procesado.

global fil_c%Numero de registros de controles cargados
global fil_s%Numero de registros de enfermos cargados
global calcular %Variable que indica si se pueden calcular los métodos
de extracción de características
global seleccion_LDA %Variable para saber si se han seleccionado las
características del modelo LDA
global seleccion_LR %Variable para saber si se han seleccionado las
características del modelo LR

fil_s = 0;
fil_c = 0;

%Cargamos algunos parámetros para ahorrar tiempo de cómputo, como los
%histogramas y las PSD promedio.
[LempelZiv_completo,SampEn_completo,ejefrecuencia,PSD_control,PSD_SAOS
,hist_control,hist_saos,eje_saos,eje] = ParametrosPrograma();

Matriz_Parametros = [];

Fs = 100;

Matriz_control = [];
Matriz_SAOS = [];

%Se deshabilitan todas las opciones de los menús menos el de cargar
set(handles.Opcion1_Guardar,'Enable','off');
set(handles.Opcion_2,'Enable','off');
set(handles.Opcion_2_1,'Enable','off');
set(handles.Opcion_2_2,'Enable','off');
set(handles.Opcion_3,'Enable','off');
set(handles.Opcion_4,'Enable','off');
set(handles.Opcion_4_LDA,'Enable','off');
set(handles.Opcion_4_LR,'Enable','off');
set(handles.Opcion_5,'Enable','off');
set(handles.Opcion_5_1,'Enable','off');
set(handles.Opcion_5_2,'Enable','off');
set(handles.listbox1,'Enable','off');
set(handles.listbox2,'Enable','off');

calcular = 0;
seleccion_LDA = 0;
seleccion_LR = 0;

% UIWAIT makes PantallaPrincipal wait for user response (see UIRESUME)
% uiwait(handles.figure1);

```

```

% --- Outputs from this function are returned to the command line.
function varargout = PantallaPrincipal_OutputFcn(hObject, eventdata,
handles)
% varargout    cell array for returning output args (see VARARGOUT);
% hObject     handle to figure
% eventdata   reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles     structure with handles and user data (see GUIDATA)

% Get default command line output from handles structure
varargout{1} = handles.output;

% -----
function Opcion_1_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject     handle to Opcion_1 (see GCBO)
% eventdata   reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles     structure with handles and user data (see GUIDATA)

% -----
function Opcion_2_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject     handle to Opcion_2 (see GCBO)
% eventdata   reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles     structure with handles and user data (see GUIDATA)

%Se habilita la opción de configurar métodos y la
% de calcular métodos si los métodos ya están configurados

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona el menú
métodos

global calcular;%Variable que indica si se pueden calcular los métodos
de extracción de características
set(handles.Opcion_2_1,'Enable','on');
if calcular == 1
    set(handles.Opcion_2_2,'enable','on');
end

% -----
function Opcion_3_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject     handle to Opcion_3 (see GCBO)
% eventdata   reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles     structure with handles and user data (see GUIDATA)

```

```

% --- Executes on selection change in listbox1.
function listbox1_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject      handle to listbox1 (see GCBO)
% eventdata    reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles      structure with handles and user data (see GUIDATA)

% Hints: contents = cellstr(get(hObject,'String')) returns listbox1
contents as cell array
%           contents{get(hObject,'Value')} returns selected item from
listbox1

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona un elemento
de la lista de
%controles

global Matriz_control %Matriz donde se van a almacenar los registros
                    %correspondientes al grupo de controles

global Fs%Frecuencia de muestreo de los registros

global PSD_control%vector de PSD promedio de los controles
global PSD_SAOS%vector de PSD promedio de los enfermos
global eje_frecuencia%se carga el eje de frecuencias correspondiente a
las PSD promedio

global hist_control%histograma promedio de controles
global hist_saos%histograma promedio de enfermos
global eje_saos%eje del histograma de enfermos
global eje%eje del histograma de controles

%Se recoge el nombre del registro, y para ese registro se representa
su
%evolución en el tiempo, su histograma y su PSD.

    seleccion = get ( handles.listbox1,'Value' );
    registro = Matriz_control(seleccion,:);
    lon = length(registro);

        contenido = get ( handles.listbox1,'String' );
        texto = contenido(seleccion,:);

        t1 = ['Histograma:' texto];
        t2 = ['Densidad Espectral de Potencia (PSD):' texto];
        t3 = ['Registro en el dominio del tiempo:' texto];
        set(handles.text1,'String',t1);
        set(handles.text2,'String',t2);
        set(handles.text3,'String',t3);
%Representamos el registro en el tiempo

registro(registro == 0) = [];
lon = length(registro);

```

```

tfinal = (lon-1) / (3600 *Fs);
t=[0:1/(Fs*3600):tfinal];

axes(handles.axes1)
plot(t,registro)
xlabel('Tiempo (horas)','FontWeight','Bold')
ylabel('Señal','FontWeight','Bold')

%Representamos el histograma, con el promedio para todos los
controles, el
    %promedio para todos los enfermos, y el el sujeto
seleccionado.

control
    %control es el vector correspondiente a los sujetos de
    %saos es el vector correspondiente a los sujetos con saos.

%Envolvente para el registro

hist_registro =
hist(registro,min(registro):1:max(registro));
hist_registro = hist_registro/sum(hist_registro);
eje_reg = min(registro):1:max(registro);

axes(handles.axes2)
plot(eje,hist_control,'b');
hold on
plot(eje_saos,hist_saos,'r');
hold on
plot(eje_reg,hist_registro,'g');
hold off

%title('Histograma para sujetos de control y SAOS');
xlabel('SpO_2 (%)','FontWeight','Bold');
ylabel('Frecuencia de datos normalizada
','FontWeight','Bold');
legend('SAHS negativo','SAHS positivo',texto);

%Hallamos la PSD y normalizamos
reg = registro - mean(registro);
[PSD_reg,frecuencia] = pwelch(reg, hanning(6000),[],
8192,Fs, 'onesided');
PSD_reg = PSD_reg /sum(PSD_reg(:));

axes(handles.axes3)
plot(ejefrecuencia,PSD_control,'b');
hold on
plot(ejefrecuencia,PSD_SAOS,'r');
hold on
plot(frecuencia,PSD_reg,'g');
hold off

%title('PSD para sujetos de control y SAOS');

```

```

xlabel('Hz','FontWeight','Bold');
ylabel('Amplitud normalizada ','FontWeight','Bold');

legend('SAHS negativo','SAHS positivo',texto);

% --- Executes during object creation, after setting all properties.
function listbox1_CreateFcn(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to listbox1 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    empty - handles not created until after all CreateFcns
called

% Hint: listbox controls usually have a white background on Windows.
%       See ISPC and COMPUTER.
if ispc && isequal(get(hObject,'BackgroundColor'),
get(0,'defaultUiControlBackgroundColor'))
    set(hObject,'BackgroundColor','white');
end
guidata(hObject, handles);

% --- Executes on selection change in listbox2.
function listbox2_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to listbox2 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)

% Hints: contents = cellstr(get(hObject,'String')) returns listbox2
contents as cell array
%       contents{get(hObject,'Value')} returns selected item from
listbox2

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona un elemento
de la lista de
%controles

global Matriz_SAOS %Matriz donde se van a almacenar los registros
                    %correspondienets al grupo de controles

global Fs%Frecuencia de muestreo de los registros

global PSD_control%vector de PSD promedio de los controles
global PSD_SAOS%vector de PSD promedio de los enfermos
global ejefrecuencia%se carga el eje de frecuencias correspondiente a
las PSD promedio

global hist_control%histograma promedio de controles
global hist_saos%histograma promedio de enfermos

```

```

global eje_saos%eje del histograma de enfermos
global eje%eje del histograma de controles

%Se recoge el nombre del registro, y para ese registro se representa
su
%evolución en el tiempo, su histograma y su PSD.

seleccion = get ( handles.listbox2,'Value' );
registro = Matriz_SAOS(seleccion,:);

contenido = get ( handles.listbox2,'String' );
texto = contenido(seleccion,:);

t1 = ['Histograma:' texto];
t2 = ['Densidad Espectral de Potencia (PSD):' texto];
t3 = ['Registro en el dominio del tiempo:' texto];
set(handles.text1,'String',t1);
set(handles.text2,'String',t2);
set(handles.text3,'String',t3);
%Representamos el registro en el tiempo

registro(registro == 0) = [];
lon = length(registro);
tfinal = (lon-1) / (3600 *Fs);
t=[0:1/(Fs*3600):tfinal];

axes(handles.axes1)
plot(t,registro)
xlabel('Tiempo (horas)', 'FontWeight', 'Bold')
ylabel('Señal', 'FontWeight', 'Bold')

%Representamos el histograma, con el promedio para todos los
controles, el
%promedio para todos los enfermos, y el el sujeto
seleccionado.

%hist_control es el vector correspondiente a los sujetos
de control
%hist_saos es el vector correspondiente a los sujetos con
saos.

%Envolvente para el registro

hist_registro =
hist(registro,min(registro):1:max(registro));
hist_registro = hist_registro/sum(hist_registro);
eje_reg = min(registro):1:max(registro);

axes(handles.axes2)
plot(eje,hist_control,'b');
hold on

```

```

    plot(eje_saos,hist_saos,'r');
    hold on
    plot(eje_reg,hist_registro,'g');
    hold off
    %title('Histograma para sujetos de control y SAOS');
    xlabel('SpO_2 (%)','FontWeight','Bold');
    ylabel('Frecuencia de datos normalizada
', 'FontWeight', 'Bold');
    legend('SAHS negativo','SAHS positivo',texto);

    %Ahora representamos la PSD

    %Hallamos la PSD y normalizamos
    reg = registro - mean(registro);
    [PSD_reg,frecuencia] = pwelch(reg, hanning(6000), [],
8192, Fs, 'onesided');
    PSD_reg = PSD_reg /sum(PSD_reg(:));

    axes(handles.axes3)
    plot(ejefrecuencia,PSD_control,'b');
    hold on
    plot(ejefrecuencia,PSD_SAOS,'r');
    hold on
    plot(frecuencia,PSD_reg,'g');
    hold off

    %title('PSD para sujetos de control y SAOS');
    xlabel('Hz','FontWeight','Bold');
    ylabel('Amplitud normalizada ','FontWeight','Bold');

    legend('SAHS negativo','SAHS positivo',texto);

    %psd_registro(registro);

% --- Executes during object creation, after setting all properties.
function listbox2_CreateFcn(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to listbox2 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    empty - handles not created until after all CreateFcns
called

% Hint: listbox controls usually have a white background on Windows.
%         See ISPC and COMPUTER.
if ispc && isequal(get(hObject,'BackgroundColor'),
get(0,'defaultUiControlBackgroundColor'))
    set(hObject,'BackgroundColor','white');
end
guidata(hObject, handles);

% -----
function Opcion_1_control_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to Opcion_1_control (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)

```

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona la opción
cargar
%control del menú Archivo

global Matriz_control%La matriz de controles, en la que se van a
añadir
            %los registros según se vayan cargando

global fil_c%Número de filas de la matriz de controles, es decir, el
número
            % de controles que hay cargados
global col_c%Número de columnas de la matriz de controles,
global fil_s%Número de filas de la matriz de controles, es decir, el
número
            % de enfermos que hay cargados

%Se llama a la función cargar registro, que carga el registro que
%selecciona el usuario
[nombre_sujeto,sujeto] = cargar_registro;

%si el usuario ha seleccionado algún registro, se añade el registro a
la
%lista de controles
if(~(isequal(nombre_sujeto,0)|| isequal(sujeto,0)))
    Matriz_control = [Matriz_control; sujeto];
    [fil_c,col_c] = size(Matriz_control);
    set(handles.listbox1,'Enable','on');

    %Representamos en el listbox el elemento cargado
    % Obtiene todos el contenido de la lista
    t = get(handles.listbox1, 'String');

    if (fil_c ==1)
        anadir = nombre_sujeto;

    else
        % Agrega el nuevo Item en la lista
        anadir = [t; nombre_sujeto];
    end
    % Muestra el nuevo Item en la lista
    set(handles.listbox1, 'String', anadir);

    if ((fil_c > 0) && (fil_s > 0))
        set(handles.Opcion_2,'Enable','on');
        set(handles.Opcion_2_1,'Enable','on');
    end
end
end

```

```

% -----
function Opcion1_SAOS_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject      handle to Opcion1_SAOS (see GCBO)
% eventdata    reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles      structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona la opción
cargar
%enfermo del menú Archivo

global Matriz_SAOS%La matriz de enfermos, en la que se van a añadir
                    %los registros según se vayan cargando

global fil_s%Número de filas de la matriz de enfermos, es decir, el
número
                    % de enfermos que hay cargados
global col_s%Número de columnas de la matriz de enfermos,
global fil_c%Número de filas de la matriz de controles, es decir, el
número
                    % de controles que hay cargados

%Se llama a la función cargar registro, que carga el registro que
%selecciona el usuario
[nombre_sujeto,sujeto] = cargar_registro;

%si el usuario ha seleccionado algún registro, se añade el registro a
la
%lista de controles

if(~(isequal(nombre_sujeto,0)|| isequal(sujeto,0)))
    Matriz_SAOS = [Matriz_SAOS; sujeto];
    [fil_s,col_s] = size(Matriz_SAOS);
    set(handles.listbox2,'Enable','on');
    %Representamos en el listbox el elemento cargado
    % Obtiene todos el contenido de la lista
    t = get(handles.listbox2, 'String');

        if (fil_s ==1 )
            t = nombre_sujeto;

        else
            % Agrega el nuevo Item en la lista
            t = [t; nombre_sujeto];
        end
    % Muestra el nuevo Item en la lista
    set(handles.listbox2, 'String', t);
    % representar_histograma(sujeto);
    % representar_tiempo(sujeto);
    % representar_PSD(sujeto);

    if ((fil_c > 0) && (fil_s > 0))
        set(handles.Opcion_2,'Enable','on');
    end
end

```

```

        set(handles.Opcion_2_1,'Enable','on');
    end
end

% --- Executes on button press in pushbutton5.
function pushbutton5_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to pushbutton5 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)

% -----
function Opcion_4_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to Opcion_3 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando selecciona el menú
Selección
%de características

%Se habilitan las opciones del menú Caracteristicas del modelo LDA y
%caracteristicas del modelo LR
set(handles.Opcion_4_LDA,'Enable','on');
    set(handles.Opcion_4_LR,'Enable','on');
set(handles.Opcion_5,'Enable','on');

% -----
function Opcion3_Mlt_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to Opcion3_Mlt (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona la opción
Mlt
%del menú ROC Características Individuales

global Parametros_Control%Características individuales para el grupo
de controles
global Parametros_SAOS%Características individuales para el grupo de
enfermos
global S_E_P_AROC %Parámetros de precisión diagnóstica para los
métodos de procesado

        %Se indica en el menú con un tic la característica que se va
a mostrar la
        %curva ROC y sus parámetros de capacidad diagnóstica
seleccionada y se
        %quita el tic en las demás

```

```

set(gcbo, 'Checked', 'on');
set(handles.Opcion3_M2t, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M3t, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M4t, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M1f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M2f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M3f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M4f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_Pa, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_Pt, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_Pr, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_CTM, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_SampEn, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_LZC, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion_5_1, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion_5_2, 'Checked', 'off');

set(gcbo, 'Checked', 'on');

%Se muestran en la tabla los valores de capacidad diagnóstica
y se
% halla y representa la curva ROC
Mc = Parametros_Control(:,1);
Ms = Parametros_SAOS(:,1);

    pvalor = S_E_P_AROC(1,1);
S = S_E_P_AROC(1,2);
E = S_E_P_AROC(1,3);
P = S_E_P_AROC(1,4);
AROC = S_E_P_AROC(1,5);
[especif,sensi] = CurvaROC(Mc,Ms);

set(handles.text14, 'String', num2str(pvalor));
set(handles.text15, 'String', num2str(S));
set(handles.text16, 'String', num2str(E));
set(handles.text17, 'String', num2str(P));
set(handles.text18, 'String', num2str(AROC));

    t = ['Curva ROC y resultados para el parametro M1t'];
set(handles.text4, 'String', t);

%ahora dibujo la curva ROC
axes(handles.axes4);
plot(1-especif,sensi,'m')
xlabel('1-Especificidad','FontWeight','Bold');
ylabel('Sensibilidad','FontWeight','Bold');
%title('Curva ROC');
hold off

% -----
function Opcion3_M2t_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to Opcion3_M2t (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)

```

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona la opción
M2t
%del menú ROC Características Individuales

global Parametros_Control%Características individuales para el grupo
de controles
global Parametros_SAOS%Características individuales para el grupo de
enfermos
global S_E_P_AROC %Parámetros de precisión diagnóstica para los
métodos de procesado

        %Se indica en el menú con un tic la característica que se va
a mostrar la
        %curva ROC y sus parámetros de capacidad diagnóstica
seleccionada y se
        %quita el tic en las demás

set(gcbo, 'Checked', 'on');
set(handles.Opcion3_M1t, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M3t, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M4t, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M1f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M2f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M3f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M4f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_Pa, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_Pt, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_Pr, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_CTM, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_SampEn, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_LZC, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion_5_1, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion_5_2, 'Checked', 'off');

%Se muestran en la tabla los valores de capacidad diagnóstica
y se

% halla y representa la curva ROC
Mc = Parametros_Control(:,2);
Ms = Parametros_SAOS(:,2);

pvalor = S_E_P_AROC(2,1);
S = S_E_P_AROC(2,2);
E = S_E_P_AROC(2,3);
P = S_E_P_AROC(2,4);
AROC = S_E_P_AROC(2,5);
[especific,sensi,AUROC] = CurvaROC(Mc,Ms);

set(handles.text14, 'String', num2str(pvalor));
set(handles.text15, 'String', num2str(S));
set(handles.text16, 'String', num2str(E));
set(handles.text17, 'String', num2str(P));
set(handles.text18, 'String', num2str(AROC));
t = ['Curva ROC y resultados para el parametro M2t'];
set(handles.text4, 'String', t);

```

```

        %ahora dibujo la curva ROC
        axes(handles.axes4);
        plot(1-especif,sensi,'m')
        xlabel('1-Especificidad','FontWeight','Bold');
        ylabel('Sensibilidad','FontWeight','Bold');
        %title('Curva ROC');
        hold off

% -----
function Opcion3_M3t_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to Opcion3_M3t (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona la opción
M3t
%del menú ROC Características Individuales

global Parametros_Control%Características individuales para el grupo
de controles
global Parametros_SAOS%Características individuales para el grupo de
enfermos
global S_E_P_AROC %Parámetros de precisión diagnóstica para los
métodos de procesado

        %Se indica en el menú con un tic la característica que se va
a mostrar la
        %curva ROC y sus parámetros de capacidad diagnóstica
seleccionada y se
        %quita el tic en las demás

        set(gcbo, 'Checked', 'on');
        set(handles.Opcion3_M1t, 'Checked', 'off');
        set(handles.Opcion3_M2t, 'Checked', 'off');
        set(handles.Opcion3_M4t, 'Checked', 'off');
        set(handles.Opcion3_M1f, 'Checked', 'off');
        set(handles.Opcion3_M2f, 'Checked', 'off');
        set(handles.Opcion3_M3f, 'Checked', 'off');
        set(handles.Opcion3_M4f, 'Checked', 'off');
        set(handles.Opcion3_Pa, 'Checked', 'off');
        set(handles.Opcion3_Pt, 'Checked', 'off');
        set(handles.Opcion3_Pr, 'Checked', 'off');
        set(handles.Opcion3_CTM, 'Checked', 'off');
        set(handles.Opcion3_SampEn, 'Checked', 'off');
        set(handles.Opcion3_LZC, 'Checked', 'off');
        set(handles.Opcion_5_1, 'Checked', 'off');
        set(handles.Opcion_5_2, 'Checked', 'off');

        %Se muestran en la tabla los valores de capacidad diagnóstica
y se
        % halla y representa la curva ROC

```

```

Mc = Parametros_Control(:,3);
Ms = Parametros_SAOS(:,3);

pvalor = S_E_P_AROC(3,1);
S = S_E_P_AROC(3,2);
E = S_E_P_AROC(3,3);
P = S_E_P_AROC(3,4);
AROC = S_E_P_AROC(3,5);
[especif,sensi,AUROC] = CurvaROC(Mc,Ms);

set(handles.text14,'String',num2str(pvalor));
set(handles.text15,'String',num2str(S));
set(handles.text16,'String',num2str(E));
set(handles.text17,'String',num2str(P));
set(handles.text18,'String',num2str(AROC));

t = ['Curva ROC y resultados para el parametro M3t'];
set(handles.text4,'String',t);

%ahora dibujo la curva ROC
axes(handles.axes4);
plot(1-especif,sensi,'m')
xlabel('1-Especificidad','FontWeight','Bold');
ylabel('Sensibilidad','FontWeight','Bold');
%title('Curva ROC');
hold off

% -----
function Opcion3_M4t_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to Opcion3_M4t (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona la opción
M4t
%del menú ROC Características Individuales

global Parametros_Control%Características individuales para el grupo
de controles
global Parametros_SAOS%Características individuales para el grupo de
enfermos
global S_E_P_AROC %Parámetros de precisión diagnóstica para los
métodos de procesado

%Se indica en el menú con un tic la característica que se va
a mostrar la
%curva ROC y sus parámetros de capacidad diagnóstica
seleccionada y se
%quita el tic en las demás

```

```

set(gcbo, 'Checked', 'on');

set(handles.Opcion3_M1t,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_M2t,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_M3t,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_M1f,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_M2f,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_M3f,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_M4f,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_Pa,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_Pt,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_Pr,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_CTM,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_SampEn,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_LZC,'Checked','off');
set(handles.Opcion_5_1,'Checked','off');
set(handles.Opcion_5_2,'Checked','off');

%Se muestran en la tabla los valores de capacidad diagnóstica
y se

% halla y representa la curva ROC
Mc = Parametros_Control(:,4);
Ms = Parametros_SAOS(:,4);
pvalor = S_E_P_AROC(4,1);
S = S_E_P_AROC(4,2);
E = S_E_P_AROC(4,3);
P = S_E_P_AROC(4,4);
AROC = S_E_P_AROC(4,5);
[especific,sensi,AUROC] = CurvaROC(Mc,Ms);

set(handles.text14,'String',num2str(pvalor));
set(handles.text15,'String',num2str(S));
set(handles.text16,'String',num2str(E));
set(handles.text17,'String',num2str(P));
set(handles.text18,'String',num2str(AROC));

t = ['Curva ROC y resultados para el parametro M4t'];
set(handles.text4,'String',t);

%ahora dibujo la curva ROC
axes(handles.axes4);
plot(1-especific,sensi,'m')
xlabel('1-Especificidad','FontWeight','Bold');
ylabel('Sensibilidad','FontWeight','Bold');
%title('Curva ROC');
hold off

% -----
function Opcion3_M1f_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to Opcion3_M1f (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona la opción
M1f
%del menú ROC Características Individuales

```

```

global Parametros_Control%Características individuales para el grupo
de controles
global Parametros_SAOS%Características individuales para el grupo de
enfermos
global S_E_P_AROC %Parámetros de precisión diagnóstica para los
métodos de procesado

%Se indica en el menú con un tic la característica que se va
a mostrar la
%curva ROC y sus parámetros de capacidad diagnóstica
seleccionada y se
%quita el tic en las demás

set(gcbo, 'Checked', 'on');

set(handles.Opcion3_M1t,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_M2t,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_M3t,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_M4t,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_M2f,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_M3f,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_M4f,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_Pa,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_Pt,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_Pr,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_CTM,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_SampEn,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_LZC,'Checked','off');
set(handles.Opcion_5_1,'Checked','off');
set(handles.Opcion_5_2,'Checked','off');

%Se muestran en la tabla los valores de capacidad diagnóstica
y se
% halla y representa la curva ROC
Mc = Parametros_Control(:,5);
Ms = Parametros_SAOS(:,5);

pvalor = S_E_P_AROC(5,1);
S = S_E_P_AROC(5,2);
E = S_E_P_AROC(5,3);
P = S_E_P_AROC(5,4);
AROC = S_E_P_AROC(5,5);
[especif,sensi,AUROC] = CurvaROC(Mc,Ms);

set(handles.text14,'String',num2str(pvalor));
set(handles.text15,'String',num2str(S));
set(handles.text16,'String',num2str(E));
set(handles.text17,'String',num2str(P));
set(handles.text18,'String',num2str(AROC));

t = ['Curva ROC y resultados para el parametro M1f'];
set(handles.text4,'String',t);

%ahora dibujo la curva ROC
axes(handles.axes4);

```

```

plot(1-especif,sensi,'m')
xlabel('1-Especificidad','FontWeight','Bold');
ylabel('Sensibilidad','FontWeight','Bold');
%title('Curva ROC');
hold off

% -----
function Opcion3_M2f_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject      handle to Opcion3_M2f (see GCBO)
% eventdata    reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles      structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona la opción
M2f
%del menú ROC Características Individuales

global Parametros_Control%Características individuales para el grupo
de controles
global Parametros_SAOS%Características individuales para el grupo de
enfermos
global S_E_P_AROC %Parámetros de precisión diagnóstica para los
métodos de procesado

%Se indica en el menú con un tic la característica que se va
a mostrar la
%curva ROC y sus parámetros de capacidad diagnóstica
seleccionada y se
%quita el tic en las demás

set(gcbo, 'Checked', 'on');
set(handles.Opcion3_M1t,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_M2t,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_M3t,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_M4t,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_M1f,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_M3f,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_M4f,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_Pa,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_Pt,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_Pr,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_CTM,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_SampEn,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_LZC,'Checked','off');
set(handles.Opcion_5_1,'Checked','off');
set(handles.Opcion_5_2,'Checked','off');

%Se muestran en la tabla los valores de capacidad diagnóstica
y se
% halla y representa la curva ROC
Mc = Parametros_Control(:,6);
Ms = Parametros_SAOS(:,6);

pvalor = S_E_P_AROC(6,1);
S = S_E_P_AROC(6,2);

```

```

E = S_E_P_AROC(6,3);
P = S_E_P_AROC(6,4);
AROC = S_E_P_AROC(6,5);
[especific,sensi,AUROC] = CurvaROC(Mc,Ms);

    set(handles.text14,'String',num2str(pvalor));
    set(handles.text15,'String',num2str(S));
    set(handles.text16,'String',num2str(E));
    set(handles.text17,'String',num2str(P));
    set(handles.text18,'String',num2str(AROC));

    t = ['Curva ROC y resultados para el parametro M2f'];
    set(handles.text4,'String',t);

%ahora dibujo la curva ROC
axes(handles.axes4);
plot(1-especific,sensi,'m')
xlabel('1-Especificidad','FontWeight','Bold');
ylabel('Sensibilidad','FontWeight','Bold');
%title('Curva ROC');
hold off

% -----
function Opcion3_M3f_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to Opcion3_M3f (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona la opción
M3f
%del menú ROC Características Individuales

global Parametros_Control%Características individuales para el grupo
de controles
global Parametros_SAOS%Características individuales para el grupo de
enfermos
global S_E_P_AROC %Parámetros de precisión diagnóstica para los
métodos de procesado

    %Se indica en el menú con un tic la característica que se va
a mostrar la
    %curva ROC y sus parámetros de capacidad diagnóstica
seleccionada y se
    %quita el tic en las demás

    set(gcbo, 'Checked', 'on');
    set(handles.Opcion3_M1t,'Checked','off');
    set(handles.Opcion3_M2t,'Checked','off');
    set(handles.Opcion3_M3t,'Checked','off');
    set(handles.Opcion3_M4t,'Checked','off');
    set(handles.Opcion3_M1f,'Checked','off');
    set(handles.Opcion3_M2f,'Checked','off');
    set(handles.Opcion3_M4f,'Checked','off');
    set(handles.Opcion3_Pa,'Checked','off');
    set(handles.Opcion3_Pt,'Checked','off');

```

```

set(handles.Opcion3_Pr,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_CTM,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_SampEn,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_LZC,'Checked','off');
set(handles.Opcion_5_1,'Checked','off');
set(handles.Opcion_5_2,'Checked','off');

%Se muestran en la tabla los valores de capacidad diagnóstica
y se
% halla y representa la curva ROC
Mc = Parametros_Control(:,7);
Ms = Parametros_SAOS(:,7);

pvalor = S_E_P_AROC(7,1);
S = S_E_P_AROC(7,2);
E = S_E_P_AROC(7,3);
P = S_E_P_AROC(7,4);
AROC = S_E_P_AROC(7,5);
[especific,sensi,AUROC] = CurvaROC(Mc,Ms);

set(handles.text14,'String',num2str(pvalor));
set(handles.text15,'String',num2str(S));
set(handles.text16,'String',num2str(E));
set(handles.text17,'String',num2str(P));
set(handles.text18,'String',num2str(AROC));

t = ['Curva ROC y resultados para el parametro M3f'];
set(handles.text4,'String',t);

%ahora dibujo la curva ROC
axes(handles.axes4);
plot(1-especific,sensi,'m')
xlabel('1-Especificidad','FontWeight','Bold');
ylabel('Sensibilidad','FontWeight','Bold');
%title('Curva ROC');
hold off

% -----
function Opcion3_M4f_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject      handle to Opcion3_M4f (see GCBO)
% eventdata    reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles      structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona la opción
M4f
%del menú ROC Características Individuales

global Parametros_Control%Características individuales para el grupo
de controles
global Parametros_SAOS%Características individuales para el grupo de
enfermos
global S_E_P_AROC %Parámetros de precisión diagnóstica para los
métodos de procesado

```

```

        %Se indica en el menú con un tic la característica que se va
a mostrar la
        %curva ROC y sus parámetros de capacidad diagnóstica
seleccionada y se
        %quita el tic en las demás

set(gcbo, 'Checked', 'on');
set(handles.Opcion3_M1t, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M2t, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M3t, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M4t, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M1f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M2f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M3f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_Pa, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_Pt, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_Pr, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_CTM, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_SampEn, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_LZC, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion_5_1, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion_5_2, 'Checked', 'off');

        %Se muestran en la tabla los valores de capacidad diagnóstica
y se
        % halla y representa la curva ROC
Mc = Parametros_Control(:,8);
Ms = Parametros_SAOS(:,8);

        pvalor = S_E_P_AROC(8,1);
S = S_E_P_AROC(8,2);
E = S_E_P_AROC(8,3);
P = S_E_P_AROC(8,4);
AROC = S_E_P_AROC(8,5);
[especific,sensi,AUROC] = CurvaROC(Mc,Ms);

        set(handles.text14, 'String', num2str(pvalor));
set(handles.text15, 'String', num2str(S));
set(handles.text16, 'String', num2str(E));
set(handles.text17, 'String', num2str(P));
set(handles.text18, 'String', num2str(AROC));

        t = ['Curva ROC y resultados para el parametro M4f'];
set(handles.text4, 'String', t);

        %ahora dibujo la curva ROC
axes(handles.axes4);
plot(1-especific,sensi,'m')
xlabel('1-Especificidad','FontWeight','Bold');
ylabel('Sensibilidad','FontWeight','Bold');
%title('Curva ROC');
hold off

% -----
function Opcion3_Pa_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to Opcion3_Pa (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)

```

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona la opción
Pa
%del menú ROC Características Individuales

global Parametros_Control%Características individuales para el grupo
de controles
global Parametros_SAOS%Características individuales para el grupo de
enfermos
global S_E_P_AROC %Parámetros de precisión diagnóstica para los
métodos de procesado

        %Se indica en el menú con un tic la característica que se va
a mostrar la
        %curva ROC y sus parámetros de capacidad diagnóstica
seleccionada y se
        %quita el tic en las demás

set(gcbo, 'Checked', 'on');
set(handles.Opcion3_M1t, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M2t, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M3t, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M4t, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M1f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M2f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M3f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M4f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_Pt, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_Pr, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_CTM, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_SampEn, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_LZC, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion_5_1, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion_5_2, 'Checked', 'off');

        %Se muestran en la tabla los valores de capacidad diagnóstica
y se
        % halla y representa la curva ROC
Mc = Parametros_Control(:,9);
Ms = Parametros_SAOS(:,9);

        pvalor = S_E_P_AROC(9,1);
S = S_E_P_AROC(9,2);
E = S_E_P_AROC(9,3);
P = S_E_P_AROC(9,4);
AROC = S_E_P_AROC(9,5);
[especific,sensi,AUROC] = CurvaROC(Mc,Ms);

        set(handles.text14, 'String', num2str(pvalor));
set(handles.text15, 'String', num2str(S));
set(handles.text16, 'String', num2str(E));
set(handles.text17, 'String', num2str(P));
set(handles.text18, 'String', num2str(AROC));

        t = ['Curva ROC y resultados para el parametro Pa'];

```

```

        set(handles.text4,'String',t);

        %ahora dibujo la curva ROC
        axes(handles.axes4);
        plot(1-especif,sensi,'m')
        xlabel('1-Especificidad','FontWeight','Bold');
        ylabel('Sensibilidad','FontWeight','Bold');
        %title('Curva ROC');
        hold off

% -----
function Opcion3_Pt_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject      handle to Opcion3_Pt (see GCBO)
% eventdata    reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles      structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona la opción
Pt
%del menú ROC Características Individuales

global Parametros_Control%Características individuales para el grupo
de controles
global Parametros_SAOS%Características individuales para el grupo de
enfermos
global S_E_P_AROC %Parámetros de precisión diagnóstica para los
métodos de procesado

        %Se indica en el menú con un tic la característica que se va
a mostrar la
        %curva ROC y sus parámetros de capacidad diagnóstica
seleccionada y se
        %quita el tic en las demás

        set(gcbo, 'Checked', 'on');
        set(handles.Opcion3_M1t,'Checked','off');
        set(handles.Opcion3_M2t,'Checked','off');
        set(handles.Opcion3_M3t,'Checked','off');
        set(handles.Opcion3_M4t,'Checked','off');
        set(handles.Opcion3_M1f,'Checked','off');
        set(handles.Opcion3_M2f,'Checked','off');
        set(handles.Opcion3_M3f,'Checked','off');
        set(handles.Opcion3_M4f,'Checked','off');
        set(handles.Opcion3_Pa,'Checked','off');
        set(handles.Opcion3_Pr,'Checked','off');
        set(handles.Opcion3_CTM,'Checked','off');
        set(handles.Opcion3_SampEn,'Checked','off');
        set(handles.Opcion3_LZC,'Checked','off');
        set(handles.Opcion_5_1,'Checked','off');
        set(handles.Opcion_5_2,'Checked','off');

        %Se muestran en la tabla los valores de capacidad diagnóstica
y se
        % halla y representa la curva ROC
        Mc = Parametros_Control(:,10);
        Ms = Parametros_SAOS(:,10);

```

```

    pvalor = S_E_P_AROC(10,1);
    S = S_E_P_AROC(10,2);
    E = S_E_P_AROC(10,3);
    P = S_E_P_AROC(10,4);
    AROC = S_E_P_AROC(10,5);

    [especific,sensi,AUROC] = CurvaROC(Mc,Ms);

    set(handles.text14,'String',num2str(pvalor));
    set(handles.text15,'String',num2str(S));
    set(handles.text16,'String',num2str(E));
    set(handles.text17,'String',num2str(P));
    set(handles.text18,'String',num2str(AROC));

    t = ['Curva ROC y resultados para el parametro Pt'];
    set(handles.text4,'String',t);

    %ahora dibujo la curva ROC
    axes(handles.axes4);
    plot(1-especific,sensi,'m')
    xlabel('1-Especificidad','FontWeight','Bold');
    ylabel('Sensibilidad','FontWeight','Bold');
    %title('Curva ROC');
    hold off

% -----
function Opcion3_Pr_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to Opcion3_Pr (see GCBO)
% eventdata reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona la opción
Pr
%del menú ROC Características Individuales

global Parametros_Control%Características individuales para el grupo
de controles
global Parametros_SAOS%Características individuales para el grupo de
enfermos
global S_E_P_AROC %Parámetros de precisión diagnóstica para los
métodos de procesado

    %Se indica en el menú con un tic la característica que se va
a mostrar la
    %curva ROC y sus parámetros de capacidad diagnóstica
seleccionada y se
    %quita el tic en las demás

    set(gcbo, 'Checked', 'on');

    set(handles.Opcion3_M1t,'Checked','off');
    set(handles.Opcion3_M2t,'Checked','off');
    set(handles.Opcion3_M3t,'Checked','off');
    set(handles.Opcion3_M4t,'Checked','off');

```

```

set(handles.Opcion3_M1f,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_M2f,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_M3f,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_M4f,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_Pa,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_Pt,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_CTM,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_SampEn,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_LZC,'Checked','off');
set(handles.Opcion_5_1,'Checked','off');
set(handles.Opcion_5_2,'Checked','off');

%Se muestran en la tabla los valores de capacidad diagnóstica
y se
% halla y representa la curva ROC
Mc = Parametros_Control(:,11);
Ms = Parametros_SAOS(:,11);

pvalor = S_E_P_AROC(11,1);
S = S_E_P_AROC(11,2);
E = S_E_P_AROC(11,3);
P = S_E_P_AROC(11,4);
AROC = S_E_P_AROC(11,5);
[especific,sensi,AUROC] = CurvaROC(Mc,Ms);

set(handles.text14,'String',num2str(pvalor));
set(handles.text15,'String',num2str(S));
set(handles.text16,'String',num2str(E));
set(handles.text17,'String',num2str(P));
set(handles.text18,'String',num2str(AROC));

t = ['Curva ROC y resultados para el parametro Pr'];
set(handles.text4,'String',t);

%ahora dibujo la curva ROC
axes(handles.axes4);
plot(1-especific,sensi,'m')
xlabel('1-Especificidad','FontWeight','Bold');
ylabel('Sensibilidad','FontWeight','Bold');
%title('Curva ROC');
hold off

% -----
function Opcion3_CTM_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject handle to Opcion3_CTM (see GCBO)
% eventdata reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona la opción
CTM
%del menú ROC Características Individuales

global Parametros_Control%Características individuales para el grupo
de controles
global Parametros_SAOS%Características individuales para el grupo de
enfermos
global S_E_P_AROC %Parámetros de precisión diagnóstica para los
métodos de procesado

```

```

        %Se indica en el menú con un tic la característica que se va
a mostrar la
        %curva ROC y sus parámetros de capacidad diagnóstica
seleccionada y se
        %quita el tic en las demás

set(gcbo, 'Checked', 'on');
set(handles.Opcion3_M1t, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M2t, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M3t, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M4t, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M1f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M2f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M3f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M4f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_Pa, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_Pt, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_Pr, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_SampEn, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_LZC, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion_5_1, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion_5_2, 'Checked', 'off');

        %Se muestran en la tabla los valores de capacidad diagnóstica
y se

% halla y representa la curva ROC
Mc = Parametros_Control(:,12);
Ms = Parametros_SAOS(:,12);

pvalor = S_E_P_AROC(12,1);
S = S_E_P_AROC(12,2);
E = S_E_P_AROC(12,3);
P = S_E_P_AROC(12,4);
AROC = S_E_P_AROC(12,5);
[especific,sensi,AUROC] = CurvaROC(Mc,Ms);

set(handles.text14, 'String', num2str(pvalor));
set(handles.text15, 'String', num2str(S));
set(handles.text16, 'String', num2str(E));
set(handles.text17, 'String', num2str(P));
set(handles.text18, 'String', num2str(AROC));

t = ['Curva ROC y resultados para el parametro CTM'];
set(handles.text4, 'String', t);

%ahora dibujo la curva ROC
axes(handles.axes4);
plot(1-especific,sensi,'m')
xlabel('1-Especificidad', 'FontWeight', 'Bold');
ylabel('Sensibilidad', 'FontWeight', 'Bold');
%title('Curva ROC');
hold off

% -----
function Opcion3_SampEn_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject handle to Opcion3_SampEn (see GCBO)

```

```

% eventdata reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona la opción
SampEn
%del menú ROC Características Individuales

global Parametros_Control%Características individuales para el grupo
de controles
global Parametros_SAOS%Características individuales para el grupo de
enfermos
global S_E_P_AROC %Parámetros de precisión diagnóstica para los
métodos de procesado

%Se indica en el menú con un tic la característica que se va
a mostrar la
%curva ROC y sus parámetros de capacidad diagnóstica
seleccionada y se
%quita el tic en las demás

set(gcbo, 'Checked', 'on');
set(handles.Opcion3_M1t, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M2t, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M3t, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M4t, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M1f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M2f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M3f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M4f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_Pa, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_Pt, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_Pr, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_CTM, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_LZC, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion_5_1, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion_5_2, 'Checked', 'off');

%Se muestran en la tabla los valores de capacidad diagnóstica
y se
% halla y representa la curva ROC
Mc = Parametros_Control(:,13);
Ms = Parametros_SAOS(:,13);

pvalor = S_E_P_AROC(13,1);
S = S_E_P_AROC(13,2);
E = S_E_P_AROC(13,3);
P = S_E_P_AROC(13,4);
AROC = S_E_P_AROC(13,5);
[especific,sensi,AUROC] = CurvaROC(Mc,Ms);

set(handles.text14, 'String', num2str(pvalor));
set(handles.text15, 'String', num2str(S));
set(handles.text16, 'String', num2str(E));
set(handles.text17, 'String', num2str(P));
set(handles.text18, 'String', num2str(AROC));

```

```

    t = ['Curva ROC y resultados para el parametro SampEn'];
    set(handles.text4,'String',t);

    %ahora dibujo la curva ROC
    axes(handles.axes4);
    plot(1-especif,sensi,'m')
    xlabel('1-Especificidad','FontWeight','Bold');
    ylabel('Sensibilidad','FontWeight','Bold');
    %title('Curva ROC');
    hold off

% -----
function Opcion3_LZC_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject      handle to Opcion3_LZC (see GCBO)
% eventdata    reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles      structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona la opción
LZC
%del menú ROC Características Individuales

global Parametros_Control%Características individuales para el grupo
de controles
global Parametros_SAOS%Características individuales para el grupo de
enfermos
global S_E_P_AROC %Parámetros de precisión diagnóstica para los
métodos de procesado

    %Se indica en el menú con un tic la característica que se va
a mostrar la
    %curva ROC y sus parámetros de capacidad diagnóstica
seleccionada y se
    %quita el tic en las demás

    set(gcbo, 'Checked', 'on');
    set(handles.Opcion3_M1t,'Checked','off');
    set(handles.Opcion3_M2t,'Checked','off');
    set(handles.Opcion3_M3t,'Checked','off');
    set(handles.Opcion3_M4t,'Checked','off');
    set(handles.Opcion3_M1f,'Checked','off');
    set(handles.Opcion3_M2f,'Checked','off');
    set(handles.Opcion3_M3f,'Checked','off');
    set(handles.Opcion3_M4f,'Checked','off');
    set(handles.Opcion3_Pa,'Checked','off');
    set(handles.Opcion3_Pt,'Checked','off');
    set(handles.Opcion3_Pr,'Checked','off');
    set(handles.Opcion3_CTM,'Checked','off');
    set(handles.Opcion3_SampEn,'Checked','off');
    set(handles.Opcion_5_1,'Checked','off');
    set(handles.Opcion_5_2,'Checked','off');

    %Se muestran en la tabla los valores de capacidad diagnóstica
y se

```

```

% halla y representa la curva ROC
Mc = Parametros_Control(:,14);
Ms = Parametros_SAOS(:,14);

pvalor = S_E_P_AROC(14,1);
S = S_E_P_AROC(14,2);
E = S_E_P_AROC(14,3);
P = S_E_P_AROC(14,4);
AROC = S_E_P_AROC(14,5);
[especific,sensi,AUROC] = CurvaROC(Mc,Ms);

set(handles.text14,'String',num2str(pvalor));
set(handles.text15,'String',num2str(S));
set(handles.text16,'String',num2str(E));
set(handles.text17,'String',num2str(P));
set(handles.text18,'String',num2str(AROC));

t = ['Curva ROC y resultados para el parametro LZC'];
set(handles.text4,'String',t);
%ahora dibujo la curva ROC
axes(handles.axes4);
plot(1-especific,sensi,'m')
xlabel('1-Especificidad','FontWeight','Bold');
ylabel('Sensibilidad','FontWeight','Bold');
%title('Curva ROC');
hold off

% -----
function Opcion_5_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject      handle to Opcion_5 (see GCBO)
% eventdata    reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles      structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona el menú ROC
%modelos LDA y LR

global seleccion_LDA %Variable para saber si se han seleccionado las
caracteristicas del modelo LDA
global seleccion_LR  %Variable para saber si se han seleccionado las
caracteristicas del modelo LR

%Si se han seleccionado las características de los modelos LDA y LR se
%habilitan las opciones del menú para hallar los parámetros de
precisión
%diagnóstica y representar la curva ROC
if seleccion_LDA == 1
    set(handles.Opcion_5_1,'Enable','on');

end

if seleccion_LR == 1
    set(handles.Opcion_5_2,'Enable','on');
end

```

```

% -----
function Opcion_5_1_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject      handle to Opcion_5_1 (see GCBO)
% eventdata    reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles      structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona la opción
LDA el menú ROC
%modelos LDA y LR

global Matriz_LDA%Los valores de los parámetros para todos los
registros de el modelo LDA
global Nombres_LDA%Los nombres de las características seleccionadas
para LDA
global S_E_P_AROC%Parámetros de precisión diagnóstica para los métodos
de procesamiento
global fil_s%Número de filas de la matriz de enfermos, es decir, el
número
                % de enfermos que hay cargados

global fil_c%Número de filas de la matriz de controles, es decir, el
número
                % de controles que hay cargados

global características_LDA%Texto con los nombres de las
características LDA

    global Y_LDA %Vector correspondiente al clasificador LDA a partir
del que
                %se calculan los valores de sensibilidad y especificidad
para
                %dibujar la curva ROC

xc = ['M1t   ','M2t   ','M3t   ','M4t   ','M1f   ','M2f   ','M3f
','M4tf  ','Pa     ','Pt     ','Pr     ','CTM   ','SampEn','LZC   '];
texto = [];

    %Se indica en el menú en la opción LDA con un tic y se
    %quita el tic en las demás
    set(gcbo, 'Checked', 'on');
    set(handles.Opcion3_M1t, 'Checked', 'off');
    set(handles.Opcion3_M2t, 'Checked', 'off');
    set(handles.Opcion3_M3t, 'Checked', 'off');
    set(handles.Opcion3_M4t, 'Checked', 'off');
    set(handles.Opcion3_M1f, 'Checked', 'off');
    set(handles.Opcion3_M2f, 'Checked', 'off');
    set(handles.Opcion3_M3f, 'Checked', 'off');
    set(handles.Opcion3_M4f, 'Checked', 'off');
    set(handles.Opcion3_Pa, 'Checked', 'off');
    set(handles.Opcion3_Pt, 'Checked', 'off');
    set(handles.Opcion3_Pr, 'Checked', 'off');

```

```

set(handles.Opcion3_CTM,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_SampEn,'Checked','off');
set(handles.Opcion3_LZC,'Checked','off');
set(handles.Opcion_5_2,'Checked','off');
caracteristicas_LDA = [];

[fil_sel,col_sel] = size(Matriz_LDA);

%Si se han seleccionado características para el modelo LDA se
%procede a la clasificación y se representa la curva ROC y los
%parámetros de capacidad diagnóstica
if fil_sel>0
    Y = [zeros(1,fil_c) ones(1,fil_s)'];

[TP,TN,FP,FN,S,E,P,AROC,pvalor,sensi,especif,Y_LDA]=LDA_crossval_loo(Y
,Matriz_LDA);
    set(handles.text14,'String',num2str(pvalor));
    set(handles.text15,'String',num2str(S));
    set(handles.text16,'String',num2str(E));
    set(handles.text17,'String',num2str(P));
    set(handles.text18,'String',num2str(AROC));
end

for j = 1:14
    if (sum((Nombres_LDA(:) == j) >0))
        caracteristicas_LDA = [caracteristicas_LDA;xc(j,:)];
        anadir = strrep(xc(j,:),' ','');
        texto = [texto ' ' anadir ];
    end
end
t = ['Curva ROC y resultados para los parametros:' texto];

set(handles.text4,'String',t);

S_E_P_AROC(15,1) = pvalor;
S_E_P_AROC(15,2) = S;
S_E_P_AROC(15,3) = E;
S_E_P_AROC(15,4) = P;
S_E_P_AROC(15,5) = AROC;

%Dibujamos la ROC
axes(handles.axes4);
plot(1-especif,sensi,'m')
xlabel('1-Especificidad','FontWeight','Bold');
ylabel('Sensibilidad','FontWeight','Bold');
%title('Curva ROC');
hold off
if ((S_E_P_AROC(15,5)>0) && (S_E_P_AROC(16,5)>0))
    set(handles.Opcion1_Guardar,'Enable','on');
end

```

```

% -----
function Opcion_5_2_Callback(hObject, eventdata, handles)

```

```

% hObject    handle to Opcion_5_2 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona la opción
LR el menú ROC
%modelos LDA y LR

global Matriz_LR%Los valores de los parámetros para todos los
registros de el modelo LR
global Nombres_LR%Los nombres de las características seleccionadas
para LR
global S_E_P_AROC%Parámetros de precisión diagnóstica para los métodos
de procesado
global fil_s%Número de filas de la matriz de enfermos, es decir, el
número
                % de enfermos que hay cargados

global fil_c%Número de filas de la matriz de controles, es decir, el
número
                % de controles que hay cargados

global características_LR%Texto con los nombres de las características
LR

    global Y_LR    %Vector correspondiente al clasificador LR a partir del
que
                %se calculan los valores de sensibilidad y especificidad
para
                %dibujar la curva ROC

global Y_LR
xc = ['M1t    ','M2t    ','M3t    ','M4t    ','M1f    ','M2f    ','M3f
','M4tf    ','Pa      ','Pt      ','Pr      ','CTM    ','SampEn','LZC    '];
texto = [];

    %Se indica en el menú en la opción LDA con un tic y se
    %quita el tic en las demás
set(gcbo, 'Checked', 'on');
set(handles.Opcion3_M1t, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M2t, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M3t, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M4t, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M1f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M2f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M3f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_M4f, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_Pa, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_Pt, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_Pr, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_CTM, 'Checked', 'off');

```

```

set(handles.Opcion3_SampEn, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion3_LZC, 'Checked', 'off');
set(handles.Opcion_5_1, 'Checked', 'off');
caracteristicas_LR = [];
[fil_sel,col_sel] = size(Matriz_LR);

LR se
    %Si se han seleccionado características para el modelo
    %procede a la clasificación y se representa la curva ROC y los
    %parámetros de capacidad diagnóstica
    if fil_sel>0
        Y = [zeros(1,fil_c) ones(1,fil_s)]];

[TP, TN, FP, FN, S, E, P, AROC, pvalor, sensi, especific, Y_LR]=LR_crossval_loo(Y,Matriz_LR);

        set(handles.text14, 'String', num2str(pvalor));
        set(handles.text15, 'String', num2str(S));
        set(handles.text16, 'String', num2str(E));
        set(handles.text17, 'String', num2str(P));
        set(handles.text18, 'String', num2str(AROC));
    end

    for j = 1:14
        if (sum((Nombres_LR(:) == j) >0))
            caracteristicas_LR = [caracteristicas_LR;xc(j,:)];
            anadir = strrep(xc(j,:), ' ', '');
            texto = [texto ' ' anadir ];
        end
    end
    t = ['Curva ROC y resultados para los parametros:' texto];

set(handles.text4, 'String', t);

S_E_P_AROC(16,1) = pvalor;
S_E_P_AROC(16,2) = S;
S_E_P_AROC(16,3) = E;
S_E_P_AROC(16,4) = P;
S_E_P_AROC(16,5) = AROC;

%Dibujamos la ROC
axes(handles.axes4);
plot(1-especific,sensi,'m')
xlabel('1-Especificidad','FontWeight','Bold');
ylabel('Sensibilidad','FontWeight','Bold');
%title('Curva ROC');
hold off

%Ahora vemos si ya est

if ((S_E_P_AROC(15,5)>0) && (S_E_P_AROC(16,5)>0))
    set(handles.Opcion1_Guardar, 'Enable', 'on');
end

```

```

% -----
function Opcion_2_1_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject      handle to Opcion_2_1 (see GCBO)
% eventdata    reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles      structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona la opción
Configurar
%Métodos el menú métodos

%Se abre la ventana de configurar métodos
Configuracion_Metodos;

% -----
function Opcion_2_2_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject      handle to Opcion_2_2 (see GCBO)
% eventdata    reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles      structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona la opción
%Calcular Métodos el menú métodos

global fil_s%Número de filas de la matriz de enfermos, es decir, el
número
           % de enfermos que hay cargados

global fil_c%Número de filas de la matriz de controles, es decir, el
número
           % de controles que hay cargados

global seleccion_LDA %Variable para saber si se han seleccionado las
características del modelo LDA
global seleccion_LR  %Variable para saber si se han seleccionado las
características del modelo LR

%Calculamos todos los parámetros

addpath ./scripts;

%Se habilitan los menús de selección de características y de ROC
%Características Individuales
if fil_c > 0 && fil_s > 0
    set(handles.Opcion_3,'Enable','off');
    set(handles.Opcion_4,'Enable','off');
    set(handles.Opcion_5,'Enable','off');
    Calculo_Parametros;
    set(handles.Opcion_3,'Enable','on');
    set(handles.Opcion_4, 'Enable','on');

```

```

    set(handles.Opcion_5_1, 'Enable', 'off');
    set(handles.Opcion_5_2, 'Enable', 'off');
    set(handles.Opcion1_Guardar, 'Enable', 'off');
end
seleccion_LDA= 0;
seleccion_LR= 0;

% -----
function Opcion1_controles_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to Opcion1_controles (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona la opción
%Cargar el directorio de controles en el menú archivo.

global fil_c%Número de filas de la matriz de controles, es decir, el
número
        % de controles que hay cargados

global fil_s%Número de filas de la matriz de enfermos, es decir, el
número
        % de enfermos que hay cargados

        %Se llama al script de cargar controles y si una vez
cargados hay
        %registros en la lista de controles y la de enfermos se habilita
el
        %menú de métodos para configurarlos
        cargar_controles();
        if ((fil_c > 0) && (fil_s > 0))
            set(handles.Opcion_2, 'Enable', 'on');
            set(handles.Opcion_2_1, 'Enable', 'on');
        end

        set(handles.listbox1, 'Enable', 'on');

% -----
function Opcion1_enfermos_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to Opcion1_enfermos (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona la opción
%Cargar el directorio de enfermos en el menú archivo.

global fil_c%Número de filas de la matriz de controles, es decir, el
número
        % de controles que hay cargados

global fil_s%Número de filas de la matriz de enfermos, es decir, el
número

```

```

        % de enfermos que hay cargados

        %Se llama al script de cargar enfermos y si una vez cargados hay
        %registros en la lista de controles y la de enfermos se habilita
el
    %menú de métodos para configurarlos
    cargar_enfermos();
    if ((fil_c > 0) && (fil_s > 0))
        set(handles.Opcion_2,'Enable','on');
        set(handles.Opcion_2_1,'Enable','on');
    end

    set(handles.listbox2,'Enable','on');

% -----
function Opcion1_Guardar_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject      handle to Opcion1_Guardar (see GCBO)
% eventdata    reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles      structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona la opción
%Guardar Resultados en el menú archivo.

global fil_c%Numero de registros de controles cargados
global fil_s%Numero de registros de enfermos cargados

global Parametros_Control%Matriz con los valores de todas las
                        %características individuales para los
controles

global Parametros_SAOS%Matriz con los valores de todas las
                        %características individuales para los enfermos
global Y_LDA %Vector correspondiente al clasificador LDA a partir
del que
                        %se calculan los valores desensibilidad y especificidad
para
                        %dibujar la curva ROC
global Y_LR %Vector correspondiente al clasificador LR a partir del
que
                        %se calculan los valores desensibilidad y especificidad
para
                        %dibujar la curva ROC
global caracteristicas_LDA%Texto con los nombres d elas
caracteristicas LDA
global caracteristicas_LR%Texto con los nombres d elas caracteristicas
LR
global S_E_P_AROC%Parámetros de precisión diagnóstica para los métodos
de procesado

%Se guardan los resultados en la hoja excel

%Se selecciona el archivo y directorio destino
[archivo,ruta_aux]=uiputfile('*.xls','Selecciona Archivo
Destino');

```

```

%Si el usuario lo ha seleccionado se escriben ordenadamente los datos
if(~(isequal(archivo,0)|isequal(ruta_aux,0)))
    ruta=[ruta_aux archivo];
ruta=[ruta '.xls'];

%Primero escribimos el numero de sujetos de cada grupo
A = {'Numero de sujetos SAHS negativo'};
xlswrite(ruta,A,1,'A1');
A = {num2str(fil_c)};
xlswrite(ruta,A,1,'C1');

A = {'Numero de sujetos SAHS positivo'};
xlswrite(ruta,A,1,'A2');
A = {num2str(fil_s)};
xlswrite(ruta,A,1,'C2');

%Luego escribimos las variables de seleccion en LDA y LR
A = {'var_selecc_LDA ='};
xlswrite(ruta,A,1,'A4');
A = {'var_selecc_LR ='};
xlswrite(ruta,A,1,'A5');

fil_lda = size(caracteristicas_LDA,1);
fil_lr = size(caracteristicas_LR,1);

cell_LDA = cellstr(caracteristicas_LDA);
cell_LR= cellstr(caracteristicas_LR);

xlswrite(ruta,cell_LDA',1,'C4');
xlswrite(ruta,cell_LR',1,'C5');

%Luego la fila con los nombres de los diferentes métodos de
procesado
A = {'Sujeto'};
xlswrite(ruta,A,1,'A7');
A = {'M1t'};
xlswrite(ruta,A,1,'C7');
A = {'M2t'};
xlswrite(ruta,A,1,'D7');
A = {'M3t'};
xlswrite(ruta,A,1,'E7');
A = {'M4t'};
xlswrite(ruta,A,1,'F7');
A = {'M1f'};
xlswrite(ruta,A,1,'G7');
A = {'M2f'};
xlswrite(ruta,A,1,'H7');
A = {'M3f'};
xlswrite(ruta,A,1,'I7');
A = {'M4f'};
xlswrite(ruta,A,1,'J7');
A = {'Pa'};
xlswrite(ruta,A,1,'K7');
A = {'Pt'};
xlswrite(ruta,A,1,'L7');

```

```

A = {'Pr'};
    xlswrite(ruta,A,1,'M7');
A = {'CTM'};
    xlswrite(ruta,A,1,'N7');
A = {'SampEn'};
    xlswrite(ruta,A,1,'O7');
A = {'LZC'};
    xlswrite(ruta,A,1,'P7');
A = {'LDA'};
    xlswrite(ruta,A,1,'Q7');
A = {'LR'};
    xlswrite(ruta,A,1,'R7');

%ahora se escriben los nombres de todos los registros

%Ahora los nombres de los sujetos
contenido1 = get ( handles.listbox1,'String' );
contenido2 = get ( handles.listbox2,'String' );
contenido = [contenido1;contenido2];
fil_contenido = size(contenido,1);
cont = cellstr(contenido);
for j = 1:fil_contenido

    x = ['A' num2str(j+8)];
    z = j+8;
    A = cont(j);
    xlswrite(ruta,A,1,x);
end

%Ahora los resultados de parametros
datos = [Parametros_Control;Parametros_SAOS];

datos = [datos Y_LDA Y_LR'];
datos2 = [S_E_P_AROC'];
size(datos)
%A = {'B4:Q'+num2str(z)};
xlswrite(ruta,datos,1,'C9');

%ahora los resultados en terminos de pvalor, s,e,p y area bajo la
roc
z = z+2;

    x = ['A' num2str(z)];
    A = {'P-valor'};
    xlswrite(ruta,A,1,x);
    x = ['C' num2str(z)];
    xlswrite(ruta,datos2(1,:),1,x);
    z = z+2;
    x = ['A' num2str(z)];
    A = {'Sensibilidad'};
    xlswrite(ruta,A,1,x);
    x = ['C' num2str(z)];
    xlswrite(ruta,datos2(2,:),1,x);
    z = z+2;
    x = ['A' num2str(z)];
    A = {'Especificidad'};
    xlswrite(ruta,A,1,x);
    x = ['C' num2str(z)];
    xlswrite(ruta,datos2(3,:),1,x);
    z = z+2;

```

```

    x = ['A' num2str(z)];
    A = {'Precisión'};
    xlswrite(ruta,A,1,x);
    x = ['C' num2str(z)];
    xlswrite(ruta,datos2(4,:),1,x);
    z = z+2;
    x = ['A' num2str(z)];
    A = {'Área bajo la curva ROC'};
    xlswrite(ruta,A,1,x);
    x = ['C' num2str(z)];
    xlswrite(ruta,datos2(5,:),1,x);

end

% -----
function Opcion1_Salir_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to Opcion1_Salir (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)
    close;

% --- Executes on button press in pushbutton6.
function pushbutton6_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to pushbutton6 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se pulsa el botón
eliminar
%enfermos

global Matriz_control %Matriz donde se van a almacenar los registros
                    %correspondienets al grupo de controles

global fil_c%Numero de registros de controles cargados

global calcular %Variable que indica si se pueden calcular los métodos
de extracción de características
global seleccion_LDA %Variable para saber si se han seleccionado las
caracteristicas del modelo LDA
global seleccion_LR %Variable para saber si se han seleccionado las
caracteristicas del modelo LR
global col_c%Mayor tamaño de los los registros cargados

%Eliminar lista de controles

%Se pregunta al usuario si desea borrar todos los sujetos del grupo de
%enfermos, con las consecuencias que conlleva
choice = questdlg('¿Desea continuar? Si continua, se borrarán todos
los resultados y la configuración actual', ...
    'Eliminar SAHS negativos', ...
    'Aceptar','Cancelar','Aceptar');
% Handle response

```

```

switch choice
    %si acepta, se borran todos, y al no tener registros de lso dos
    grupos, se deshabilitan
    %los menús que se han ido habilitando
    case 'Aceptar'
        Matriz_control = [];
        [fil_c,col_c] = size(Matriz_control);
        set(handles.listbox1, 'String', '');

        set(handles.Opcion_2,'Enable','off');
        set(handles.Opcion_2_1,'Enable','off');
        set(handles.Opcion_2_2,'Enable','off');
        set(handles.Opcion_3,'Enable','off');
        set(handles.Opcion_4,'Enable','off');
        set(handles.Opcion_4_LDA,'Enable','off');
        set(handles.Opcion_4_LR,'Enable','off');
        set(handles.Opcion_5,'Enable','off');
        set(handles.Opcion_5_1,'Enable','off');
        set(handles.Opcion_5_2,'Enable','off');
        set(handles.listbox1,'Enable','off');
        set(handles.Opcion1_Guardar,'Enable','off');
        calcular = 0;
        seleccion_LDA = 0;
        seleccion_LR = 0;

    %Si cancela, no pasa nada
    case 'Cancelar'

end

% --- Executes on button press in pushbutton7.
function pushbutton7_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject      handle to pushbutton7 (see GCBO)
% eventdata    reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles      structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se pulsa el botón
eliminar
%enfermos

global Matriz_SAOS %Matriz donde se van a almacenar los registros
                    %correspondienets al grupo de enfermos

global fil_s%Numero de registros de enfermos cargados
global calcular %Variable que indica si se pueden calcular los métodos
de extracción de características
global seleccion_LDA %Variable para saber si se han seleccionado las
características del modelo LDA
global seleccion_LR %Variable para saber si se han seleccionado las
características del modelo LR

%Eliminar la lista de enfermos

%Se pregunta al usaurio si desea borrar todos los sujetos del grupo de
%enfermos, con las consecuencias que conlleva

```

```

choice = questdlg('¿Desea continuar? Si continua, se borrarán todos
los resultados y la configuración actual', ...
'Eliminar SAHS positivos', ...
'Aceptar','Cancelar','Aceptar');
% Handle response
switch choice
%si acepta, se borran todos, y al no tener registros de lso dos
grupos, se deshabilitan
%los menús que se han ido habilitando
case 'Aceptar'
Matriz_SAOS = [];
[fil_s,col_s] = size(Matriz_SAOS);
set(handles.listbox2, 'String', '');

set(handles.Opcion_2,'Enable','off');
set(handles.Opcion_2_1,'Enable','off');
set(handles.Opcion_2_2,'Enable','off');
set(handles.Opcion_3,'Enable','off');
set(handles.Opcion_4,'Enable','off');
set(handles.Opcion_4_LDA,'Enable','off');
set(handles.Opcion_4_LR,'Enable','off');
set(handles.Opcion_5,'Enable','off');
set(handles.Opcion_5_1,'Enable','off');
set(handles.Opcion_5_2,'Enable','off');
set(handles.listbox2,'Enable','off');
set(handles.Opcion1_Guardar,'Enable','off');
calcular = 0;
seleccion_LDA = 0;
seleccion_LR = 0;
%Si cancela, no pasa nada
case 'Cancelar'

end

% -----
function Opcion_4_LDA_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject      handle to Opcion_4_LDA (see GCBO)
% eventdata    reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles      structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona la opción
%Características del modelo LDA el menú Selección de Características

%Se abre la ventana en la que se eligen las características del modelo
LDA
    Caracteristicas_LDA;

% -----
function Opcion_4_LR_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject      handle to Opcion_4_LR (see GCBO)
% eventdata    reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles      structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando se selecciona la opción

```

```
%Características del modelo LR el menú Selección de Características

%Se abre la ventana en la que se eligen las características del modelo
LR

    Caracteristicas_LR;
```

A.3 Configuración_Metodos.m

```
% Configuración_Métodos      %Script correspondiente a la figura que se
                             % abre cuando se da a la opción configurar
                             % métodos en el menú métodos de la figura
                             %Pantalla Principal

% Última modificación: 13 de Junio de 2014

% TFG: 'Análisis de la saturación de oxígeno en sangre para la ayuda
       % al diagnóstico del Síndrome de Apnea-hipopnea del Sueño en
       %niños'

function varargout = Configuracion_Metodos(varargin)
% CONFIGURACION_METODOS MATLAB code for Configuracion_Metodos.fig
%     CONFIGURACION_METODOS, by itself, creates a new
CONFIGURACION_METODOS or raises the existing
%     singleton*.
%
%     H = CONFIGURACION_METODOS returns the handle to a new
CONFIGURACION_METODOS or the handle to
%     the existing singleton*.
%
%     CONFIGURACION_METODOS('CALLBACK',hObject,eventData,handles,...)
calls the local
%     function named CALLBACK in CONFIGURACION_METODOS.M with the
given input arguments.
%
%     CONFIGURACION_METODOS('Property','Value',...) creates a new
CONFIGURACION_METODOS or raises the
%     existing singleton*. Starting from the left, property value
pairs are
%     applied to the GUI before Configuracion_Metodos_OpeningFcn gets
called. An
%     unrecognized property name or invalid value makes property
application
%     stop. All inputs are passed to
Configuracion_Metodos_OpeningFcn via varargin.
%
%     *See GUI Options on GUIDE's Tools menu. Choose "GUI allows
only one
%     instance to run (singleton)".
%
% See also: GUIDE, GUIDATA, GUIHANDLES

% Edit the above text to modify the response to help
Configuracion_Metodos

% Last Modified by GUIDE v2.5 05-Jun-2014 18:17:04
```

```

% Begin initialization code - DO NOT EDIT
gui_Singleton = 1;
gui_State = struct('gui_Name',       mfilename, ...
                  'gui_Singleton',  gui_Singleton, ...
                  'gui_OpeningFcn', @Configuracion_Metodos_OpeningFcn, ...
                  'gui_OutputFcn',  @Configuracion_Metodos_OutputFcn, ...
                  ...
                  'gui_LayoutFcn',  [] , ...
                  'gui_Callback',    []);
if nargin && ischar(varargin{1})
    gui_State.gui_Callback = str2func(varargin{1});
end

if nargout
    [varargout{1:nargout}] = gui_mainfcn(gui_State, varargin{:});
else
    gui_mainfcn(gui_State, varargin{:});
end
% End initialization code - DO NOT EDIT

% --- Executes just before Configuracion_Metodos is made visible.
function Configuracion_Metodos_OpeningFcn(hObject, eventdata, handles,
varargin)
% This function has no output args, see OutputFcn.
% hObject    handle to figure
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)
% varargin   command line arguments to Configuracion_Metodos (see
VARARGIN)

% Choose default command line output for Configuracion_Metodos
handles.output = hObject;

global calcular %indica si se pueden calcular los métodos, porque ya
están configurados
global tam_segmento_tiempo %longitud de tramas de los registros de
SaO2 en el tiempo
global tipo_ventana_f %tipo de ventana seleccionada para la PSD
global tam_ventana_f %tamaño de ventana seleccionado para la PSD
global NFFT
global frec_inicial %frecuencia inferior de la banda de interés
global frec_final%frecuencia superior de la banda de interés
global radio_CTM %radio para el cálculo del CTM
global tam_segmento_CTM%longitud de tramas de los registros para el
cálculo del CTM
global tam_segmento_LZC%longitud de tramas de los registros para el
cálculo de LZC
global tam_segmento_SampEn% longitud de tramas de los registros para
el cálculo de la SampEn
global m_SampEn% valor de m para sampEn
global r_SampEn% valor de r para SampEn

%Se cargan los valores de los parámetros si el usuario los ha
%configurado anteriormente
if calcular == 1
    set(handles.edit1, 'String', num2str(tam_segmento_tiempo))

```

```

set(handles.edit3, 'String', num2str(tam_ventana_f))
set(handles.edit5, 'String', num2str(NFFT))
set(handles.edit6, 'String', num2str(frec_inicial))
set(handles.edit7, 'String', num2str(frec_final ))
set(handles.edit8, 'String', num2str(radio_CTM))
set(handles.edit9, 'String', num2str(tam_segmento_CTM))
set(handles.edit10, 'String', num2str(tam_segmento_LZC))
set(handles.edit14, 'String', num2str(tam_segmento_SampEn))
set(handles.popupmenu1, 'Value', tipo_ventana_f);
set(handles.popupmenu2, 'Value', m_SampEn);
set(handles.popupmenu3, 'Value', r_SampEn);
end

% Update handles structure
guidata(hObject, handles);

% UIWAIT makes Configuracion_Metodos wait for user response (see
UIRESUME)
% uiwait(handles.figure1);

% --- Outputs from this function are returned to the command line.
function varargout = Configuracion_Metodos_OutputFcn(hObject,
eventdata, handles)
% varargout cell array for returning output args (see VARARGOUT);
% hObject handle to figure
% eventdata reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles structure with handles and user data (see GUIDATA)

% Get default command line output from handles structure
varargout{1} = handles.output;

% --- Executes on button press in pushbutton1.
function pushbutton1_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject handle to pushbutton1 (see GCBO)
% eventdata reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando el usuario pulsa el botón
%Aceptar

%Ahora guardamos todas las variables de configuración de los métodos

global calcular %indica si se pueden calcular los métodos, porque ya
están configurados
global tam_segmento_tiempo %longitud de tramas de los registros de
SaO2 en el tiempo
global tipo_ventana_f %tipo de ventana seleccionada para la PSD
global tam_ventana_f %tamaño de ventana seleccionado para la PSD
global NFFT
global frec_inicial %frecuencia inferior de la banda d einterés
global frec_final%frecuencia superior de la banda de interés

```

```

global radio_CTM %radio para el cálculo del CTM
global tam_segmento_CTM%longitud de tramas de los registros para el
cálculo dle CTM
global tam_segmento_LZC%longitud de tramas de los registros para el
cálculo de LZC
global tam_segmento_SampEn% longitud de tramas de los registros para
el cálculo de la SampEn
global m_SampEn% valor de m para sampEn
global r_SampEn% valor de r para SampEn

%Si se pulsa el botón aceptar en la ventana de configuración, se
recoge el
%valor de lso campos de texto de los parámetros

%Recogemos los parametros
tam_segmento_tiempo = str2double(get(handles.edit1, 'String'));
tipo_ventana_f = get(handles.popupmenu1, 'Value');
tam_ventana_f = str2double(get(handles.edit3, 'String'));
NFFT = str2double(get(handles.edit5, 'String'));
frec_inicial = str2double(get(handles.edit6, 'String'));
frec_final = str2double(get(handles.edit7, 'String'));
radio_CTM = str2double(get(handles.edit8, 'String'));
tam_segmento_CTM = str2double(get(handles.edit9, 'String'));
tam_segmento_LZC = str2double(get(handles.edit10, 'String'));
tam_segmento_SampEn = str2double(get(handles.edit14, 'String'));
m_SampEn = get(handles.popupmenu2, 'Value') ;
r_SampEn = get(handles.popupmenu3, 'Value') ;

set(handles.text26, 'String', '')
set(handles.text28, 'String', '')
set(handles.text29, 'String', '')
set(handles.text30, 'String', '')
set(handles.text34, 'String', '')
set(handles.text33, 'String', '')
set(handles.text45, 'String', '')
set(handles.text31, 'String', '')
set(handles.text32, 'String', '')

%Se comprueba que el formato de los datos que ha introducido el
usuario
%son correctos

%Comprobamos que todos los parametros tienen el formato correcto
if (isnan(tam_segmento_tiempo) || (mod(tam_segmento_tiempo,1) ~= 0)
|| tam_segmento_tiempo < 0)
    set(handles.text26, 'String', 'Valor incorrecto')
elseif(isnan(tam_ventana_f) || (mod(tam_ventana_f,1) ~= 0) ||
tam_ventana_f<0)
    set(handles.text28, 'String', 'Valor incorrecto')
elseif(isnan(NFFT) || (mod(NFFT,1) ~= 0) || NFFT<0)
    set(handles.text29, 'String', 'Valor incorrecto')
elseif(isnan(frec_inicial) || frec_inicial<0 || frec_inicial > 50 ||
frec_inicial>=frec_final)
    set(handles.text30, 'String', 'Valor incorrecto')
elseif(isnan(frec_final) || frec_final<0 || frec_final> 50)
    set(handles.text45, 'String', 'Valor incorrecto')
elseif(isnan(radio_CTM) || radio_CTM<0 || radio_CTM > 20)

```

```

        set(handles.text33, 'String','Valor incorrecto')
    elseif(isnan(tam_segmento_CTM) || (mod(tam_segmento_CTM,1) ~= 0) ||
tam_segmento_CTM<0)
        set(handles.text34, 'String','Valor incorrecto')
    elseif(isnan(tam_segmento_LZC) || (mod(tam_segmento_LZC,1) ~= 0) ||
tam_segmento_LZC<0)
        set(handles.text31, 'String','Valor incorrecto')
    elseif(isnan(tam_segmento_SampEn) || (mod(tam_segmento_SampEn,1) ~=
0) || tam_segmento_SampEn<0)
        set(handles.text32, 'String','Valor incorrecto')

    else
    calcular =1;

    close;

    end

% --- Executes on button press in pushbutton2.
function pushbutton2_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to pushbutton2 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)
close;

function edit8_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to edit8 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)

% Hints: get(hObject,'String') returns contents of edit8 as text
%        str2double(get(hObject,'String')) returns contents of edit8
as a double

% --- Executes during object creation, after setting all properties.
function edit8_CreateFcn(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to edit8 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    empty - handles not created until after all CreateFcns
called

% Hint: edit controls usually have a white background on Windows.
%        See ISPC and COMPUTER.
if ispc && isequal(get(hObject,'BackgroundColor'),
get(0,'defaultUicontrolBackgroundColor'))
    set(hObject,'BackgroundColor','white');
end

function edit9_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to edit9 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)

```

```

% Hints: get(hObject,'String') returns contents of edit9 as text
%         str2double(get(hObject,'String')) returns contents of edit9
as a double

% --- Executes during object creation, after setting all properties.
function edit9_CreateFcn(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to edit9 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    empty - handles not created until after all CreateFcns
called

% Hint: edit controls usually have a white background on Windows.
%         See ISPC and COMPUTER.
if ispc && isequal(get(hObject,'BackgroundColor'),
get(0,'defaultUicontrolBackgroundColor'))
    set(hObject,'BackgroundColor','white');
end

function edit3_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to edit3 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)

% Hints: get(hObject,'String') returns contents of edit3 as text
%         str2double(get(hObject,'String')) returns contents of edit3
as a double

% --- Executes during object creation, after setting all properties.
function edit3_CreateFcn(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to edit3 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    empty - handles not created until after all CreateFcns
called

% Hint: edit controls usually have a white background on Windows.
%         See ISPC and COMPUTER.
if ispc && isequal(get(hObject,'BackgroundColor'),
get(0,'defaultUicontrolBackgroundColor'))
    set(hObject,'BackgroundColor','white');
end

function edit5_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to edit5 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)

% Hints: get(hObject,'String') returns contents of edit5 as text
%         str2double(get(hObject,'String')) returns contents of edit5
as a double

```

```

% --- Executes during object creation, after setting all properties.
function edit5_CreateFcn(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to edit5 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    empty - handles not created until after all CreateFcns
called

% Hint: edit controls usually have a white background on Windows.
%         See ISPC and COMPUTER.
if ispc && isequal(get(hObject,'BackgroundColor'),
get(0,'defaultUicontrolBackgroundColor'))
    set(hObject,'BackgroundColor','white');
end

% --- Executes on selection change in popupmenu1.
function popupmenu1_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to popupmenu1 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)

% Hints: contents = cellstr(get(hObject,'String')) returns popupmenu1
contents as cell array
%         contents{get(hObject,'Value')} returns selected item from
popupmenu1

% --- Executes during object creation, after setting all properties.
function popupmenu1_CreateFcn(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to popupmenu1 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    empty - handles not created until after all CreateFcns
called

% Hint: popupmenu controls usually have a white background on Windows.
%         See ISPC and COMPUTER.
if ispc && isequal(get(hObject,'BackgroundColor'),
get(0,'defaultUicontrolBackgroundColor'))
    set(hObject,'BackgroundColor','white');
end

function edit1_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to edit1 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)

% Hints: get(hObject,'String') returns contents of edit1 as text
%         str2double(get(hObject,'String')) returns contents of edit1
as a double

% --- Executes during object creation, after setting all properties.
function edit1_CreateFcn(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to edit1 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    empty - handles not created until after all CreateFcns
called

```

```

% Hint: edit controls usually have a white background on Windows.
%     See ISPC and COMPUTER.
if ispc && isequal(get(hObject,'BackgroundColor'),
get(0,'defaultUicontrolBackgroundColor'))
    set(hObject,'BackgroundColor','white');
end

function edit6_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject     handle to edit6 (see GCBO)
% eventdata   reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles     structure with handles and user data (see GUIDATA)

% Hints: get(hObject,'String') returns contents of edit6 as text
%         str2double(get(hObject,'String')) returns contents of edit6
as a double

% --- Executes during object creation, after setting all properties.
function edit6_CreateFcn(hObject, eventdata, handles)
% hObject     handle to edit6 (see GCBO)
% eventdata   reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles     empty - handles not created until after all CreateFcns
called

% Hint: edit controls usually have a white background on Windows.
%     See ISPC and COMPUTER.
if ispc && isequal(get(hObject,'BackgroundColor'),
get(0,'defaultUicontrolBackgroundColor'))
    set(hObject,'BackgroundColor','white');
end

function edit7_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject     handle to edit7 (see GCBO)
% eventdata   reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles     structure with handles and user data (see GUIDATA)

% Hints: get(hObject,'String') returns contents of edit7 as text
%         str2double(get(hObject,'String')) returns contents of edit7
as a double

% --- Executes during object creation, after setting all properties.
function edit7_CreateFcn(hObject, eventdata, handles)
% hObject     handle to edit7 (see GCBO)
% eventdata   reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles     empty - handles not created until after all CreateFcns
called

% Hint: edit controls usually have a white background on Windows.
%     See ISPC and COMPUTER.
if ispc && isequal(get(hObject,'BackgroundColor'),
get(0,'defaultUicontrolBackgroundColor'))
    set(hObject,'BackgroundColor','white');
end

```

end

```
function edit14_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to edit14 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)

% Hints: get(hObject,'String') returns contents of edit14 as text
%        str2double(get(hObject,'String')) returns contents of edit14
as a double
```

```
% --- Executes during object creation, after setting all properties.
function edit14_CreateFcn(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to edit14 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    empty - handles not created until after all CreateFcns
called
```

```
% Hint: edit controls usually have a white background on Windows.
%        See ISPC and COMPUTER.
if ispc && isequal(get(hObject,'BackgroundColor'),
get(0,'defaultUicontrolBackgroundColor'))
    set(hObject,'BackgroundColor','white');
end
```

```
function edit15_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to edit15 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)

% Hints: get(hObject,'String') returns contents of edit15 as text
%        str2double(get(hObject,'String')) returns contents of edit15
as a double
```

```
% --- Executes during object creation, after setting all properties.
function edit15_CreateFcn(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to edit15 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    empty - handles not created until after all CreateFcns
called
```

```
% Hint: edit controls usually have a white background on Windows.
%        See ISPC and COMPUTER.
if ispc && isequal(get(hObject,'BackgroundColor'),
get(0,'defaultUicontrolBackgroundColor'))
    set(hObject,'BackgroundColor','white');
end
```

```
function edit16_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to edit16 (see GCBO)
```

```

% eventdata reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles structure with handles and user data (see GUIDATA)

% Hints: get(hObject,'String') returns contents of edit16 as text
% str2double(get(hObject,'String')) returns contents of edit16
as a double

% --- Executes during object creation, after setting all properties.
function edit16_CreateFcn(hObject, eventdata, handles)
% hObject handle to edit16 (see GCBO)
% eventdata reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles empty - handles not created until after all CreateFcns
called

% Hint: edit controls usually have a white background on Windows.
% See ISPC and COMPUTER.
if ispc && isequal(get(hObject,'BackgroundColor'),
get(0,'defaultUicontrolBackgroundColor'))
set(hObject,'BackgroundColor','white');
end

function edit10_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject handle to edit10 (see GCBO)
% eventdata reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles structure with handles and user data (see GUIDATA)

% Hints: get(hObject,'String') returns contents of edit10 as text
% str2double(get(hObject,'String')) returns contents of edit10
as a double

% --- Executes during object creation, after setting all properties.
function edit10_CreateFcn(hObject, eventdata, handles)
% hObject handle to edit10 (see GCBO)
% eventdata reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles empty - handles not created until after all CreateFcns
called

% Hint: edit controls usually have a white background on Windows.
% See ISPC and COMPUTER.
if ispc && isequal(get(hObject,'BackgroundColor'),
get(0,'defaultUicontrolBackgroundColor'))
set(hObject,'BackgroundColor','white');
end

% --- Executes on button press in pushbutton3.
function pushbutton3_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject handle to pushbutton3 (see GCBO)
% eventdata reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles structure with handles and user data (see GUIDATA)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Se ejecuta el código de esta función cuando el usuario pulsa el botón
%Cargar valores por defecto

```

```

%Se cargan los valores por defecto

    set(handles.edit1, 'String','6000')
set(handles.edit3, 'String','6000')
set(handles.edit5, 'String','8192')
set(handles.edit6, 'String','0.03')
set(handles.edit7, 'String','0.15')
set(handles.edit8, 'String','2')
set(handles.edit9, 'String','6000')
set(handles.edit10, 'String','6000')
set(handles.edit14, 'String','6000')
set(handles.popupmenu1,'Value',1);
set(handles.popupmenu1,'Value',1);
set(handles.popupmenu2,'Value',1);
set(handles.popupmenu3,'Value',1);

% --- Executes on selection change in popupmenu2.
function popupmenu2_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to popupmenu2 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)

% Hints: contents = cellstr(get(hObject,'String')) returns popupmenu2
contents as cell array
%         contents{get(hObject,'Value')} returns selected item from
popupmenu2

% --- Executes during object creation, after setting all properties.
function popupmenu2_CreateFcn(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to popupmenu2 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    empty - handles not created until after all CreateFcns
called

% Hint: popupmenu controls usually have a white background on Windows.
%         See ISPC and COMPUTER.
if ispc && isequal(get(hObject,'BackgroundColor'),
get(0,'defaultUicontrolBackgroundColor'))
    set(hObject,'BackgroundColor','white');
end

% --- Executes on selection change in popupmenu3.
function popupmenu3_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to popupmenu3 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    structure with handles and user data (see GUIDATA)

% Hints: contents = cellstr(get(hObject,'String')) returns popupmenu3
contents as cell array
%         contents{get(hObject,'Value')} returns selected item from
popupmenu3

```

```

% --- Executes during object creation, after setting all properties.
function popupmenu3_CreateFcn(hObject, eventdata, handles)
% hObject    handle to popupmenu3 (see GCBO)
% eventdata  reserved - to be defined in a future version of MATLAB
% handles    empty - handles not created until after all CreateFcns
called

% Hint: popupmenu controls usually have a white background on Windows.
%         See ISPC and COMPUTER.
if ispc && isequal(get(hObject,'BackgroundColor'),
get(0,'defaultUicontrolBackgroundColor'))
    set(hObject,'BackgroundColor','white');
end

```

A.4 Calcular Métodos

A.4.1 Calculo_Parametros.m

```

% Calculo_Parametros      %Script para el cálculo de los métodos de
                        % extracción de características

% Última modificación: 13 de Junio de 2014

% TFG: 'Análisis de la saturación de oxígeno en sangre para la ayuda
% al diagnóstico del Síndrome de Apnea-hipopnea del Sueño en
% niños'

global tam_segmento_tiempo %longitud de tramas de los registros de
SaO2 en el tiempo
global tipo_ventana_f %tipo de ventana seleccionada para la PSD
global tam_ventana_f %tamaño de ventana seleccionado para la PSD
global NFFT
global freq_inicial %frecuencia inferior de la banda de interés
global freq_final %frecuencia superior de la banda de interés
global radio_CTM %radio para el cálculo del CTM
global tam_segmento_CTM %longitud de tramas de los registros para el
cálculo de CTM
global tam_segmento_LZC %longitud de tramas de los registros para el
cálculo de LZC
global tam_segmento_SampEn % longitud de tramas de los registros para
el cálculo de la SampEn
global m_SampEn % valor de m para sampEn
global r_SampEn % valor de r para SampEn
global Matriz_control %Matriz donde se van a almacenar los registros
%correspondientes al grupo de controles
global Matriz_SAOS %Matriz donde se van a almacenar los registros
%correspondientes al grupo de enfermos
global Fs %Frecuencia de muestreo de los registros
global Parametros_Control %Matriz con los valores de todas las
%características individuales para los
controles

global Parametros_SAOS %Matriz con los valores de todas las
%características individuales para los enfermos

```

```

global LempelZiv_completo%lempelziv de todos los registros
global SampEn_completo%entropía muestral de todos los registros

global S_E_P_AROC%Parámetros de precisión diagnóstica para los métodos
de procesado

[fil_c,col_c] = size(Matriz_control);
[fil_s,col_s] = size(Matriz_SAOS);

% lon_SampEn = length(SampEn_completo);
% lon_LZC = length(LempelZiv_completo);

Parametros_Control = zeros(fil_c,14);
Parametros_SAOS = zeros(fil_s,14);

%Establecemos los valores de m y r de la Entropía Muestral

m = m_SampEn;

if r_SampEn ==1
    r = 0.25;
end

if r_SampEn ==2
    r = 0.2;
end

if r_SampEn ==3
    r = 0.15;
end

if r_SampEn ==4
    r = 0.1;
end

h = waitbar(0,'Por favor espere..');
steps = fil_c+fil_s;

%Para cada registro perteneciente al grupo de controles hallamos todos
los
%métodos de extracción de características
for i = 1:fil_c
    waitbar(i / steps)
    registro = Matriz_control(i,:);
    registro(registro == 0) = [];

    %Momentos estadísticos en el dominio dle tiempo

[Parametros_Control(i,1),Parametros_Control(i,2),Parametros_Control(i,

```

```

3),Parametros_Control(i,4)] =
estadisticos_tiempo(registro,tam_segmento_tiempo);

    %Dominio de la frecuencia
    %Hallamos la PSD
    reg = registro -mean(registro);
    [psd_reg,frecuencia] =
hallarpsd(reg,tipo_ventana_f,tam_ventana_f,NFFT,Fs);
    psd_reg_norm = psd_reg/sum(psd_reg(:));
    %Ahora nos quedamos con la PSD en la banda de interés
    indices = find ( frecuencia >frec_inicial &
frecuencia<frec_final);

    psd_reg_bi = psd_reg(indices);
    %Hallamos los momentos estadísticos en el dominio de la
frecuencia
    Parametros_Control(i,5) = mean(psd_reg_bi);
    Parametros_Control(i,6)= var(psd_reg_bi);
    Parametros_Control(i,7)= skewness(psd_reg_bi);
    Parametros_Control(i,8)= kurtosis(psd_reg_bi);
    Parametros_Control(i,9) = max(psd_reg_bi(:));
    Parametros_Control(i,10) = sum(psd_reg_bi(:));
    Parametros_Control(i,11) =
sum(psd_reg(:))/sum(psd_reg_bi(:));
    %Parámetros no lineales
    %Esto se descomenta para la versión definitiva.

    Parametros_Control(i,13) =
mean(sampen_tramas(registro,m,r,tam_segmento_SampEn));
    Parametros_Control(i,12) =
mean(ctm_tramas(registro,radio_CTM,tam_segmento_CTM));
    Parametros_Control(i,14) =
mean(lzcomplexity_tramas(registro,'mediana',2,tam_segmento_LZC);

end

%     %Esto se comenta para la version definitiva
%     %Ahora miramos el SampEn y LempelZiv
%     if(lon_LZC == (fil_c+fil_s))
%         Parametros_Control(:,13) = SampEn_completo(1:fil_c);
%         Parametros_SAOS(:,13) =
SampEn_completo(fil_c+1:fil_c+fil_s);
%
%     end
%     if(lon_SampEn == (fil_c+fil_s))
%         Parametros_Control(:,14) = LempelZiv_completo(1:fil_c);
%         Parametros_SAOS(:,14) =
LempelZiv_completo(fil_c+1:fil_c+fil_s);
%     end

for i = 1:fil_s
    waitbar(i+fil_c / steps)
    registro = Matriz_SAOS(i,:);

```

```

registro(registro == 0) = [];
%Momento estadísticos en el dominio del tiempo

[Parametros_SAOS(i,1),Parametros_SAOS(i,2),Parametros_SAOS(i,3),Parame
tros_SAOS(i,4)] = estadisticos_tiempo(registro,tam_segmento_tiempo);
%Dominio de la frecuencia
%Hallamos la PSD
reg = registro -mean(registro);
[psd_reg,frecuencia] =
hallarpsd(reg,tipo_ventana_f,tam_ventana_f,NFFT,Fs);
psd_reg_norm = psd_reg/sum(psd_reg(:));
%Ahora nos quedamos con la PSD en la banda de interés
indices = find ( frecuencia >frec_inicial &
frecuencia<frec_final);

psd_reg_bi = psd_reg(indices);
%Hallamos los momentos estadísticos en el dominio de la
frecuencia
Parametros_SAOS(i,5) = mean(psd_reg_bi);
Parametros_SAOS(i,6) = var(psd_reg_bi);
Parametros_SAOS(i,7) = skewness(psd_reg_bi);
Parametros_SAOS(i,8) = kurtosis(psd_reg_bi);
Parametros_SAOS(i,9) = max(psd_reg_bi(:));
Parametros_SAOS(i,10) = sum(psd_reg_bi(:));
Parametros_SAOS(i,11) =
sum(psd_reg(:))/sum(psd_reg_bi(:));
%Parámetros no lineales
Parametros_SAOS(i,13) =
mean(sampen_tramas(registro,m,r,tam_segmento_SampEn));
Parametros_SAOS(i,12) =
mean(ctm_tramas(registro,radio_CTM,tam_segmento_CTM));
Parametros_SAOS(i,14)
=mean(lzcomplexity_tramas(registro,'mediana',2,tam_segmento_LZC);

end
close(h)

%Ahora hacemos para todos los parámetros validación cruzada dejando
uno
%fuera y así tenemos almacenados en una matriz los resultados de
capacidad
%diagnóstica para cada método de extracción de característica.

S_E_P_AROC = zeros(16,5);
for j =1:14

[mediaC,mediaS,stdC,stdS,pvalor,Sensibilidad,Especificidad,Precision,A
ROC] =
ValidacionCruzadaROC(Parametros_Control(:,j),Parametros_SAOS(:,j));
S_E_P_AROC(j,1) = pvalor;
S_E_P_AROC(j,2) = Sensibilidad*100;
S_E_P_AROC(j,3) = Especificidad*100;
S_E_P_AROC(j,4) = Precision*100;
S_E_P_AROC(j,5) = AROC;
end

```

A.4.2 estadisticos_tiempo.m

```

function [M1t,M2t,M3t,M4t] = estadisticos_tiempo(serie,Intervalo)

% Calculo_Parametros      %Script para el cálculo de los momentos
                        % estadisticos en el dominio dle tiempo

% Argumentos de entrada
% serie:      registro al que se va acalcular los parámetros
% Intervalo:  Longitud de tramas.

% Argumentos de salida
% M1t:      media en el dominio del tiempo
% M2t:      varianzas en el dominio del tiempo
% M3t:      skewness en el dominio del tiempo
% M4t:      kurtosis en el dominio del tiempo
%

% Última modificación: 13 de Junio de 2014

% TFG: 'Análisis de la saturación de oxígeno en sangre para la ayuda
      % al diagnóstico del Síndrome de Apnea-hipopnea del Sueño en
      % niños'

medias = [];
varianzas = [];
momento3 = [];
momento4 = [];
L=length(serie); % número de muestras de la señal
% Analizaremos la evolución de una serie de parámetros por cada
hora registrada

% Si las últimas muestras no completan un intervalo no se procesan
mh=0:Intervalo:L; % Contiene las muestras que delimitan cada
intervalo dentro del registro

%Dividimos al registro en trozos de tamaño longitud de tramas, y
para
%cada trozo hallamos el momento estadístico, y después promediamos
todos
%esos valores
for i=1:length(mh)-1
    hora=serie(mh(i)+1:mh(i+1));

    medias= [medias mean(hora)];
    varianzas=[varianzas var(hora)];
    momento3= [momento3 skewness(hora)];
    momento4= [momento4 kurtosis(hora)];

end
M1t = nanmean(medias(:));
M2t = nanmean(varianzas(:));
M3t = nanmean(momento3(:));
M4t = nanmean(momento4(:));

```

A.4.3 hallar_psd.m

```
function [psd_reg,frecuencia] =
hallarpsd(registro,tipo_ventana_f,tam_ventana_f,NFFT,Fs)

% Calculo_Parametros      %Script para el cálculo de los momentos
                        % estadísticos en el dominio dle tiempo

% Argumentos de entrada
% registro:              registro al que se va acalcular los parámetros
% Intervalo:             Longitud de tramas.
% tipo_ventana_f:        tipo de ventana seleccionada para la PSD
% tam_ventana_f          tamaño de ventana seleccionada para la PSD
% NFFT:                  número de puntos de la PSD
% Fs:                    Frecuencia de muestreo de los registros

% Argumentos de salida
% psd_reg:               PSD del registro de entrada
% frecuencia:            Vector de frecuencias en el que se ha calculado la
%                          PSD, de 0 a fs/2.
%
% Última modificación: 13 de Junio de 2014

% TFG: 'Análisis de la saturación de oxígeno en sangre para la ayuda
% al diagnóstico del Síndrome de Apnea-hipopnea del Sueño en
% niños'

%se halla la PSD con el método de Welch con los aprámetros
%configurados en Configuracion_Metodos.
tipo_ventana_f;
tam_ventana_f;
NFFT;
Fs;

if tipo_ventana_f == 1
    ventana = hamming(tam_ventana_f);
end
if tipo_ventana_f == 2
    ventana = hanning(tam_ventana_f);
end
if tipo_ventana_f == 3
    ventana = blackman(tam_ventana_f);
end
if tipo_ventana_f == 4
    ventana = rectwin(tam_ventana_f);
end
[psd_reg,frecuencia] = pwelch(registro, ventana,[], NFFT,Fs,
'onesided');
```

A.4.4 ctm_tramas.m

```
function CTM=ctm_tramas(registro,radio,tam)
%
% Función que calcula la medida de la tendencia central (CTM) para
% tramas de un numero de muestras especificado por el usuario en el
```

```

% parametro tam. El algoritmo de cálculo del CTM se ha programado de
% acuerdo al artículo: M. E. Cohen, D. L. Hudson, and P. C. Deedwania,
% "Applying continuous chaotic modeling to cardiac signals analysis,"
% IEEE Engineering in Medicine and Biology Magazine, vol. 15, pp. 97-
% 102, 1996.
% Argumentos de entrada
% - registro:      Vector de datos de SpO2
% - radio:        Argumento de entrada para el cálculo del CTM.
%                Representa el radio del círculo que determina
%                la frontera a la hora de contabilizar los
%                puntos en torno al origen de coordenadas en el
%                diagrama de dispersión de diferencias de
%                segundo orden
% - tam:          Tamaño del segmento en que se divide el
%                registro de SpO2 durante el cálculo del CTM
%
% Variables de salida
% - CTM:          Vector de valores de CTM para cada segmento
%                del registro de SpO2. Este vector tiene tamaño
%                1xk, donde k es el número de segmentos de
%                tamaño 'tam' muestras en que se posible
%                dividir el registro de SpO2.
%
% Grupo de Ingeniería Biomédica
% http://www.gib.tel.uva.es
% Universidad de Valladolid
%
% Programado por: Daniel Álvarez González.
% Modificado por: Fernando Vaquerizo Villar.
% Última actualización: 13 de junio de 2014

% El CTM se puede calcular sobre el registro completo (tam=0) o
% sobre el registro dividido en tramas de tamaño 'tam' muestras.
% Calculamos el número de veces a aplicar el algoritmo en la señal
% correspondiente viendo en cuántas tramas no solapadas de longitud
% 'tam' es posible dividir el registro de SpO2 original

if tam==0 % Si tam = 0 el algoritmo se calcula sobre el registro
completo
    k=1; % El algoritmo se aplica una vez k=1
    tam=length(registro);
else % El algoritmo se aplica k veces
    k = floor(length(registro)/tam);
end

% Aplicamos el algoritmo (cálculo de CTM) sobre cada trama
for j=1:k
    trama = registro((1+(j-1)*tam):(j*tam));

    % Algoritmo de cálculo del CTM
    % El CTM consiste en (i) construir un diagrama de dispersión de
diferencias
    % de segundo orden; (ii) fijar una región circular de radio
'radio';
    % (iii) contar el número de puntos que caen dentro del círculo y
(iv)
    % normalizar respecto al número de puntos del diagrama, que
dependerá
    % de la longitud de la trama bajo estudio.

```

```

L=length(trama);
y=trama(3:L)-trama(2:L-1);
x=trama(2:L-1)-trama(1:L-2);
CTM(j)=sum(sqrt(x.^2+y.^2)<radio)/(L-2);
end

```

A.4.5 sampen_tramas.m

```

function SampEn=sampen_tramas(registro,m,r,tam)
% Calculo_Parametros      %Script para el cálculo de los momentos
                        % estadísticos en el dominio dle tiempo

% Argumentos de entrada
% registro:             registro al que se va acalculiar los parámetros
% m:                   longitud de la ventana de comparación
% r:                   ventana de tolerancia
% tam                  Longitud de tramas.
%

% Argumentos de salida
% SampEn:             PSD del registro de entrada

% Programado por: Daniel Álvarez González.
% Modificado por: Fernando Vaquerizo Villar.

% Última modificación: 13 de Junio de 2014

% TFG: 'Análisis de la saturación de oxígeno en sangre para la ayuda
% al diagnóstico del Síndrome de Apnea-hipopnea del Sueño en
% niños'

% Calculamos la entropia muestral para tramas de un numero de muestras
% especificado
% por el usuario en el parametro tam
% Calculamos el número de veces a aplicar el algoritmo en la señal
% correspondiente
if tam==0 % Si tam = 0 el algoritmo se calcula sobre el registro
completo
    k=1;
    tam=length(registro);
else
    k = floor(length(registro)/tam);
end
% SD=std(registro);%Creo que es mejor coger la SD total en vez de la
de cada segmento
SampEn=zeros(1,k); %Cosecha mia para ahorrar tiempo
for j=1:k
    trama = registro((1+(j-1)*tam):(j*tam));
    % Transformamos el vector columna en vector fila
    serie=trama';
    N=length(serie);

    X=serie(1:N);

    for contador=1:m-1

```

```

        X=[X; serie(contador+1:N) zeros(1,contador)];
    end

    %Contamos el número de vectores X(j) a distancia menor que r de
X(i) y promediamos
    SD=std(serie);

    numb=dist_SampEn(X,N,m,r*SD);
    Bi_m_r=(1/(N-m-1))*numb;

    % Calculamos B_m como el promedio de Bi_m_r
    B_m=(1/(N-m))*(sum(Bi_m_r));

    % Calculamos las distancias entre componentes escalares de los
vectores para m+1
    n=m+1;

    X=serie(1:N);

    for contador=1:n-1
        X=[X; serie(contador+1:N) zeros(1,contador)];
    end

    % Contamos el número de vectores X(j) a distancia menor que r de
X(i) y promediamos
    numa=dist_SampEn(X,N,m,r*SD);
    Ai_m_r=(1/(N-m-1))*numa;

    % Calculamos A_m como el promedio de Ai_m_r
    A_m=(1/(N-m))*(sum(Ai_m_r));

    % Obtenemos la Entropía Muestral
    SampEn(j)=-log(A_m/B_m);
end

```

A.4.6 dist_SampEn.m

```

function num2=dist_SampEn(X,N,m,r)

% Calculo_Parametros      %Script para el cálculo de los momentos
                        % estadísticos en el dominio dle tiempo

% Argumentos de entrada
% registro:              segmento del registro al que se calcula la
%                          distancia
% N:                     longitud del segmento
% m:                     longitud de la ventana de comparación
% r:                     ventana de tolerancia por le desviación típica

%

% Argumentos de salida
% num2:                  número de elementos a distancia menor que la ventana de
%                          tolerancia

```

```

% Programado por: Daniel Álvarez González.
% Modificado por: Fernando Vaquerizo Villar.

% Última modificación: 13 de Junio de 2014

% TFG: 'Análisis de la saturación de oxígeno en sangre para la ayuda
% al diagnóstico del Síndrome de Apnea-hipopnea del Sueño en
% niños'

% num1=zeros(1,N-m);
num2=zeros(1,N-m);
%d=1e3*ones(1,N-m); %Cosecha mia para ahorrar memoria y tiempo
for i=1:(N-m)
%   for j=1:(N-m)
%       if j~=i
%           d(j)=max(abs(X(:,i)-X(:,j)));
%           if d(j)<=r
%               % Contamos el número de distancias menores que la de
corte
%                   num1(i)=num1(i)+1;
%               end
%           end
%       end
end

%Alternativa el doble de rápida
d1= repmat(X(:,i),1,N-m)-X(:,1:end-m);
[n1,n2]=size(d1);
d2=max(abs(d1));
if n1==1
    num2(i)=length(find(abs(d1)<=r))-1;
else
    num2(i)=length(find(d2<=r))-1;
end
end
end

```

A.4.7lzcomplexity_tramas.m

```

function
LZcomplexity=lzcomplexity_tramas(registro,umbral_db,num_simbolos,tam)
%
% Función que calcula la complejidad de Lempel-Ziv (Lempel-Ziv
% complexity, LZC) mediante el algoritmo propuesto en A. Lempel and
% J.Ziv, "On the complexity of finite sequences," IEEE Transactions
% on Information Theory, vol. IT-22, pp. 75-81, 1976.
%
% El LZC es una medida no paramétrica de cuantificación de la
% complejidad en series de datos finitas. LZC está directamente
% relacionada con el número de cadenas (subsecuencias) diferentes y
% su repetición a lo largo de una secuencia de datos. Para detectar
% las diferentes subsecuencias, se convierte la señal original en una
% secuencia binaria de símbolos mediante la comparación con un la
% umbral, habitualmente la media o mediana de la serie de datos a
% analizar. La serie de entrada es dividida en segmentos, de forma
% que se obtiene un valor de LZC para cada segmento. Finalmente se
% realiza un promediado para obtener un único valor de LZC para la

```

```

%     serie.
%     Argumentos de entrada:
%
%     - registro:           Serie de datos de entrada de la que estimaremos
su LZC.
%     - umbral_db:         Umbral empleado en la conversión binaria de la %
%                           serie. Tomará los valores 'media' o 'mediana'.
%     - num_simbolos:      Número de símbolos empleados en la conversión
%                           binaria de la serie de datos original.
%     - tam:               Número de muestras de los segmentos en que se
%                           dividirá la serie de datos original. Si tam = 0,
%                           se aplicará el algoritmo sobre la serie original
%                           sin segmentar.
%
%     Variables de salida:
%     - LZcomplexity:      Vector de valores de LZC para cada segmento
%                           del registro de SpO2. Este vector tiene tamaño
%                           1xk, donde k es el número de segmentos de tamaño
%                           'tam' muestras en que se posible dividir el
%                           registro de SpO2.
%
%     Grupo de Ingeniería Biomédica
%     http://www.gib.tel.uva.es
%     Universidad de Valladolid
%
%     Programado por: Daniel Abásolo Baz.
%     Modificado por: Daniel Álvarez González y Fernando Vaquerizo
%     Villar.

% Última modificación: 13 de Junio de 2014

% TFG: 'Análisis de la saturación de oxígeno en sangre para la ayuda
%       al diagnóstico del Síndrome de Apnea-hipopnea del Sueño en
%       niños'

% LZC se puede calcular sobre el registro completo (tam=0) o
% sobre el registro dividido en tramas de tamaño 'tam' muestras.
% Calculamos el número de veces a aplicar el algoritmo en la señal
% correspondiente viendo en cuántas tramas no solapadas de longitud
% 'tam' es posible dividir el registro de SpO2 original
if tam==0 % Si tam = 0 el algoritmo se calcula sobre el registro
completo
    n_tramas=1; % El algoritmo se aplica una vez n_tramas=1
    tam=length(registro);
else % El algoritmo se aplica n_tramas veces
    n_tramas=fix(length(registro)/tam);
end

% Calculamos LZC para cada trama
for l=1:n_tramas
    % Extraemos la trama correspondiente del registro original.
    trama=registro((1+(l-1)*tam):(l*tam));

    % Número de muestras de la trama.
    n=length(trama);

    % Transformación de la trama en una secuencia binaria
    trama=transforma_binaria(trama,num_simbolos,umbral_db);

    if num_simbolos == 2

```

```

        b=n/log2(n);
    else
        b=n/(log(n)/log(3));
    end

    % Inicializamos las variables empleadas en el cálculo la
    complejidad LZ.
    c = 1;           % Valor inicial del contador de complejidad.
    S = trama(1);   % Inicialización de la subsecuencia S.
    Q = trama(2);   % Inicialización de la subsecuencia Q.

    for i = 2:tam
        % Concatenamos ambas subsecuencias.
        SQ = [S,Q];
        % Eliminamos el último caracter de la subsecuencia resultado
de la
        % concatenación.
        SQ_pi = [SQ(1:(length(SQ)-1))];

        % Comprobamos si la subsecuencia Q se encuentra contenida en
SQ_pi
        % Para encontrar coincidencias dentro de la secuencia de
símbolos
        % bajo estudio, se considera que el contenido de la secuencia
es
        % una cadena de caracteres y se utiliza una función típica de
% comparación de cadenas, muy común en las librerías básicas
de
        % muchos lenguajes de programación.
        indice = findstr(Q,SQ_pi); % Nos da los índices en los que Q
empieza dentro de SQ_pi

        if length(indice)==0
            % Q no se encuentra al inspeccionar SQ_pi: Q es una
secuencia nueva.
            c = c+1;           % Incrementamos el contador de
complejidad.
            if (i+1)>tam       % Si llegamos al final de la serie
hemos terminado.
                break;
            else
                % Si no hemos llegado al final
concatenamos las subsecuencias S y Q.
                S = [S,Q];     % Formamos una nueva subsecuencia
S.
                Q = trama(i+1); % Actualizamos la subsecuencia Q.
            end
        else
            % Q forma parte de SQ_pi.
            if (i+1)>tam       % Si llegamos al final de la serie
hemos terminado.
                break;
            else
                Q = [Q,trama(i+1)]; % Extendemos la subsecuencia Q.
            end
        end
    end
    % Normalizamos el contador de complejidad c de tal forma que 0 <=
c/b.
    % <= 1
    LZcomplexity(1) = c/b;
end

```

A.4.8 transforma_binaria.m

```

function s=transforma_binaria(serie,num_simbolos,umbral)
%
% Esta función transforma una señal temporal en una serie compuesta
por un
% número de símbolos determinado de naturaleza binaria.
%
% Argumentos de entrada:
% - serie:          Señal temporal a transformar
% - num_simbolos:  Número de símbolos a utilizar en la
transformación (2 ó 3)
% - umbral:        Umbral de decisión a aplicar en la
transformación.
%
%                   Será una cadena de caracteres que indique si el
%                   umbral es la 'media' o la 'mediana' de la serie
%                   temporal bajo estudio.
%
% Argumentos de salida:
% - s:             Señal transformada. Es la secuencia de símbolos
%                   binarios
%
% Grupo de Ingeniería Biomédica
% http://www.gib.tel.uva.es
% Universidad de Valladolid
%
% Programado por: Alicia Rodrigo de Diego y Jose Victor Marcos %
%               Martin.
% Modificado por: Daniel Álvarez González y Fernando vaquerizo %
%               Villar.
%
% Última modificación: 13 de Junio de 2014
%
% TFG: 'Análisis de la saturación de oxígeno en sangre para la ayuda
%       al diagnóstico del Síndrome de Apnea-hipopnea del Sueño en
%       niños'

if num_simbolos==2
    if strcmp(umbral,'mediana')
        mediana=median(serie);
        for i=1:length(serie)
            if serie(i)<mediana
                s(i)=0;
            else
                s(i)=1;
            end
        end
    else
        media=mean(serie);
        for i=1:length(serie)
            if serie(i)<media
                s(i)=0;
            else
                s(i)=1;
            end
        end
    end
end

```

```

end

else
    mediana=median(serie);
    mx=abs(max(serie));
    mn=abs(min(serie));

    td1=mediana-mn/16;
    td2=mediana+mx/16;

    for i=1:length(serie)
        if serie(i)<=td1
            s(i)=0;
        else if serie(i)<td2
            s(i)=1;
        else
            s(i)=2;
        end
    end
end
end
end

```

A.5 Clasificación Diagnóstica

A.5.1 ValidacionCruzadaROC.m

```

function
[mediaC,mediaS,stdC,stdS,pvalor,Sensibilidad,Especificidad,Precision,A
ROC] = ValidacionCruzadaROC(Mc,Ms)

% ValidacionCruzadROC   %Script para la realización de validación
%                       %cruzada dejando uno fuera dados dos grupos de
%                       %población y hallar los parámetros de capacidad
%                       %diagnóstica.

% Argumentos de entrada
% Mc:   Vector de almacenamiento de los resultados del método para los
%       %sujetos
%       %de control
% Ms:   Vector de almacenamiento de los resultados del método para los
%       %enfermos
%       %de SAOS

% Argumentos de salida
% mediaC:   valor medio del parámetro en el grupo de control
% mediaS:   valor medio del parámetro en el grupo de enfermos
% stdC:     desviación típica del parámetro en el grupo de
% control
% stdS:     desviación típica del parámetro en el grupo de
% enfermos
% pvalor:   pvalor del parámetro con el test de Mann-Whitney
% Sensibilidad: Valor de Sensibilidad óptimo
% Especificidad: Valor de Especificidad óptimo
% Precisión: Valor de Precisión óptima
% AROC:     Área bajo la curva ROC

```

```

% Última modificación: 13 de Junio de 2014

% TFG: 'Análisis de la saturación de oxígeno en sangre para la ayuda
% al diagnóstico del Síndrome de Apnea-hipopnea del Sueño en
% niños'

%Ordenosadecuadamente los datos por filas y columnas
[fil,col] = size(Mc);
if col==1 && fil >1
    Mc = Mc';
end

[fil2,col2] = size(Ms);
if col2==1 && fil2 >1
    Ms = Ms';
end

%Hallo el numero de sanos y enfermo que tengo y la media del
parámetro.
Lc = length(Mc);
Ls = length(Ms);

mediaC = mean(Mc);
mediaS = mean(Ms);

medianaC = median(Mc);
medianaS = median(Ms);

stdC = std(Mc);
stdS = std(Ms);
%Hallo el pvalor y la F de Snedecor.

%Calculo del p-valor con Mann-Whitney

pvalor = ranksum(Mc,Ms);

%Defino las variables Verdaderos positivos y negativos(VP y VN) para
el
%calculo de los valores de precision,especificidad y sensibilidad,
junto
%con el vector que va a recoger el area bajo la curva roc (AUROC)
para cada sujeto.
%Por último procedo a dibujar la CurvaROC

%Concateno en un vector ordenado a los sujetos, que va a ser el
vector de umbrales para
%hallar la sensibilidad, la especificidad y la curva ROC.

subj = [Mc Ms];
umbrales = sort(subj);
dif = umbrales(length(umbrales))- umbrales(length(umbrales)-1);
ultimo = umbrales(length(umbrales))+dif;

```

```

umbrales = [ umbrales ultimo];
Lumb = length(umbrales);

%Para cada valor de umbrales hallo la sensibilidad, la especificidad
y la
%precisión

%Sensibilidad es los verdaderos positivos entre todos los
positivos(Ls)
%Especificidad es los verdaderos negativos entre todos los
negativos(Ls)
sens = zeros(1,Lumb);
espec = zeros(1,Lumb);
precision = zeros(1,Lumb);

%Lo que sea >= umbral va para un lado y lo que sea menor para otro.

%Inicializo el valor de distancia minima entre la esquina superior
%izquierda de la ROC (0,1) al valor maximo:2
dist = sqrt(2);
for i=1:Lumb
    %Primero hay que ver que grupo va a quedar por encima y cual por
    %debajo de lo que marque el umbral, a partir de la media
    if medianaC >=medianaS
        %Hallo los verdaderos positivos, que es el numero de sujetos
cuyo
        %parametro es menor que el umbral
        TP = sum( Ms < umbrales(i));
        sens(i) = TP/Ls;

        %Hallo los verdaderos negativos, que es el numero de
sujetos cuyo
        %parametro es menor que el umbral
        TN = sum( Mc >= umbrales(i));
        espec(i) = TN/Lc;

        precision(i) = (TP+ TN)/(Ls+Lc);
    else
        %Hallo los verdaderos positivos, que es el numero de sujetos
cuyo
        %parametro es menor que el umbral
        TP = sum( Ms >= umbrales(i));
        sens(i) = TP/Ls;

        %Hallo los verdaderos negativos, que es el numero de
sujetos cuyo
        %parametro es menor que el umbral
        TN = sum( Mc < umbrales(i));
        espec(i) = TN/Lc;
        precision(i) = (TP+ TN)/(Ls+Lc) ;
    end

    distancia = sqrt(((1-sens(i)).^2) + (1-espec(i)).^2);

    if distancia < dist
        dist = distancia;
        S = sens(i);
        E = espec(i);
        P = precision(i);
    end
end

```

```

end
%Hallar el área bajo la curva ROC
AreaROC = 0;
for i=1:Lumb-1
    trozo = (sens(i) + sens(i+1)) * abs(espec(i) - espec(i+1)) /2;
    AreaROC = AreaROC + trozo;
end

if(AreaROC <0.5)
    tendencia = 0;

else
    tendencia = 1;
end

%Hago el Procedimiento de Validación cruzada
VP =0;
VN = 0;

AUROC = cat(1);

%Hago el procedimiento de validación cruzada para los sujetos sanos.

for x = 1:Lc
    grupo1 = Mc;
    grupo2 = Ms;

    grupo1(x) = [];

    %Concateno en un vector ordenado a los sujetos, que va a ser el
vector de umbrales para
    %hallar la sensibilidad, la especificidad y la curva ROC.
    suj = [grupo1 grupo2];
    umbrales = sort(suj);
    dif = umbrales(length(umbrales))- umbrales(length(umbrales)-1);
    ultimo = umbrales(length(umbrales))+dif;
    umbrales = [ umbrales ultimo];
    Lumb = length(umbrales);

    %Para cada valor de umbrales hallo la sensibilidad, la
especificidad y la
    %precisión

    %Sensibilidad es los verdaderos positivos entre todos los
positivos(Ls)
    %Especificidad es los verdaderos negativos entre todos los
negativos(Ls)
    sensi = zeros(1,Lumb);
    especif = zeros(1,Lumb);
    precision = zeros(1,Lumb);

```

```

        %Lo que sea >= umbral va para un lado y lo que sea menor
para otro.

        %Inicializo el valor de distancia minima entre la esquina
superior
        %izquierda de la ROC (0,1) al valor maximo:raiz de 2
        dist = sqrt(2);
        umbral_optimo = umbrales(1);

        %Hallo el umbral óptimo

        for i=1:Lumb
            %Primero hay que ver que grupo va a quedar por encima y
cual por
            %debajo de lo que marque el umbral, a partir de la media
            if ((medianaC >=medianaS) && (tendencia == 1)) ||
((medianaC <medianaS) && (tendencia == 0))
                %Hallo los verdaderos positivos, que es el numero de
sujetos cuyo
                %parametro es menor que el umbral
                TP = sum( grupo2 < umbrales(i));
                sensi(i) = TP/Ls;

                %Hallo los verdaderos negativos, que es el numero
de sujetos cuyo
                %parametro es menor que el umbral
                TN = sum( grupo1 >= umbrales(i));
                especific(i) = TN/(Lc-1);

                precision(i) = (TP+ TN)/(Ls+Lc-1);
            else
                %Hallo los verdaderos positivos, que es el numero de
sujetos cuyo
                %parametro es menor que el umbral
                TP = sum( grupo2 >= umbrales(i));
                sensi(i) = TP/Ls;

                %Hallo los verdaderos negativos, que es el numero
de sujetos cuyo
                %parametro es menor que el umbral
                TN = sum( grupo1 < umbrales(i));
                especific(i) = TN/(Lc-1);
                precision(i) = (TP+ TN)/(Ls+Lc-1) ;
            end

            distancia = sqrt(((1-sensi(i)).^2) + (1-especific(i)).^2);

            if distancia < dist
                umbral_optimo = umbrales(i);
                dist = distancia;
                S = sensi(i);
                E = especific(i);
                P = precision(i);
            end
        end
        %Una vez tengo el umbral óptimo, miro si el sujeto tiene un
valor
        %menor u mayor al umbral óptimo
        if ((medianaC >=medianaS) && (tendencia == 1)) ||
((medianaC <medianaS) && (tendencia == 0))

```

```

        if (Mc(x) >= umbral_optimo)
            VN = VN+1;
        end

    else
        if (Mc(x) < umbral_optimo)
            VN = VN+1;
        end
    end

    end

    %Hallar el área bajo la curva ROC
    aroc = 0;
    for i=1:Lumb-1
        trozo = (sensi(i) + sensi(i+1)) * abs(especif(i) -
especif(i+1)) /2;
        aroc = aroc + trozo;
    end

    AUROC = [AUROC aroc];

end

%Hago el procedimiento de validación cruzada para los sujetos
enfermos
for x = 1:Ls
    grupo1 = Mc;
    grupo2 = Ms;

    grupo2(x) = [];

    suj = [grupo1 grupo2];
    umbrales = sort(suj);
    dif = umbrales(length(umbrales))- umbrales(length(umbrales)-1);
    ultimo = umbrales(length(umbrales))+dif;
    umbrales = [ umbrales ultimo];
    Lumb = length(umbrales);

        %Para cada valor de umbrales hallo la sensibilidad, la
especificidad y la
        %precisión

        %Sensibilidad es los verdaderos positivos entre todos los
positivos(Ls)
        %Especificidad es los verdaderos negativos entre todos los
negativos(Ls)
        sensi = zeros(1,Lumb);
        especif = zeros(1,Lumb);
        precision = zeros(1,Lumb);

        %Lo que sea >= umbral va para un lado y lo que sea menor
para otro.

        %Inicializo el valro de distancia minima entre la esquina
superior
        %izquierda de la ROC (0,1) al valro maximo:2
        dist = sqrt(2);

```

```

    umbral_optimo = umbrales(1);

    %Hallo el umbral óptimo

    for i=1:Lumb
        %Primero hay que ver que grupo va a quedar por encima y
cual por
        %debajo de lo que marque el umbral, a partir de la media
        if ((medianaC >=medianaS) && (tendencia == 1)) ||
((medianaC <medianaS) && (tendencia == 0))
            %Hallo los verdaderos positivos, que es el numero de
sujetos cuyo
            %parametro es menor que el umbral
            TP = sum( grupo2 < umbrales(i));
            sensi(i) = TP/(Ls-1);

            %Hallo los verdaderos negativos, que es el numero
de sujetos cuyo
            %parametro es menor que el umbral
            TN = sum( grupo1 >= umbrales(i));
            especific(i) = TN/Lc;

            precision(i) = (TP+ TN)/(Ls-1+Lc);
        else
            %Hallo los verdaderos positivos, que es el numero de
sujetos cuyo
            %parametro es menor que el umbral
            TP = sum( grupo2 >= umbrales(i));
            sensi(i) = TP/(Ls-1);%Se tiene un enfermo menos

            %Hallo los verdaderos negativos, que es el numero
de sujetos cuyo
            %parametro es menor que el umbral
            TN = sum( grupo1 < umbrales(i));
            especific(i) = TN/Lc;
            precision(i) = (TP+ TN)/(Ls-1+Lc) ;
        end

        distancia = sqrt(((1-sensi(i)).^2) + (1-especific(i)).^2);

        if distancia < dist
            umbral_optimo = umbrales(i);
            dist = distancia;
            S = sensi(i);
            E = especific(i);
            P = precision(i);
        end
    end
    %Una vez tengo el umbral óptimo, miro si el sujeto tiene un
valor
    %menor u mayor al umbral óptimo
    if ((medianaC >=medianaS) && (tendencia == 1)) ||
((medianaC <medianaS) && (tendencia == 0))
        if (Ms(x) < umbral_optimo)
            VP = VP+1;
        end

    else
        if (Ms(x) >= umbral_optimo)
            VP = VP+1;
        end
    end

```

```

        end
    end

    %Hallar el área bajo la curva ROC
    aroc = 0;
    for i=1:Lumb-1
        trozo = (sensi(i) + sensi(i+1)) * abs(especif(i) -
especif(i+1)) /2;
        aroc = aroc + trozo;
    end

    AUROC = [AUROC aroc];

end

%Una vez ya hemos hallado los valores VP y VN necesarios, junto con
el
%vector de AUROC, hallamos los resultados finales.

Sensibilidad = VP/Ls;
Especificidad = VN/Lc;
Precision = (VP+VN)/(Ls+Lc);
AROC = mean(AUROC);

```

A.5.2 CurvaROC.m

```

function [especif,sensi,AUROC] = CurvaROC(Mc,Ms)

% CurvaROC      %Script para hallar los vectores de sensibilidad y
%              %especificidad para dibujar la curva ROC, y el área bajo
%              %la curva ROC.

% Argumentos de entrada
% Mc:  Vector de almacenamiento de los resultados del método para los
%      sujetos de control
% Ms:  Vector de almacenamiento de los resultados del método para los
%      enfermos de SAHS

% Argumentos de salida
% sensi:      Vector de valores de sensibilidad
% especific:   Vector de valores de especificidad
% AUROC:      Área bajo la curva ROC

% Última modificación: 13 de Junio de 2014

% TFG: 'Análisis de la saturación de oxígeno en sangre para la ayuda
%      al diagnóstico del Síndrome de Apnea-hipopnea del Sueño en
%      niños'

[fil,col] = size(Mc);

```

```

if col==1 && fil >1
    Mc = Mc';
end

[fil2,col2] = size(Ms);
if col2==1 && fil2 >1
    Ms = Ms';
end

%Hallo el numero de sanos y enfermo que tengo y la media
Lc = length(Mc);
Ls = length(Ms);

mediaC = mean(Mc);
mediaS = mean(Ms);

%Concateno en un vector ordenado a los sujetos, que va aser el
vector de umbrales para
%hallar la sensibilidad, la especificidad y la curva ROC.

suj = [Mc Ms];
umbrales = sort(suj);
dif = umbrales(length(umbrales))- umbrales(length(umbrales)-1);
ultimo = umbrales(length(umbrales))+dif;
umbrales = [ umbrales ultimo];
Lumb = length(umbrales);

%Para cada valor de umbrales hallo la sensibilidad, la especificidad
y la
%precisión

%Sensibilidad es los verdaderos positivos entre todos los
positivos(Ls)
%Especificidad es los verdaderos negativos entre todos los
negativos(Ls)
sensi = zeros(1,Lumb);
especif = zeros(1,Lumb);
precision = zeros(1,Lumb);

%Lo que sea >= umbral va para un lado y lo que sea menor para otro.

%Inicializo el valro de distancia minima entre la esquina superior
%izquierda de la ROC (0,1) al valro maximo:2
dist = sqrt(2);
for i=1:Lumb
    %Primero hay que ver que grupo va a quedar por encima y cual por
    %debajo de lo que marque el umbral, a partir de la media
    if mediaC >=mediaS
        %Hallo los verdaderos positivos, que es el numero de sujetos
cuyo
        %parametro es menor que el umbral
        TP = sum( Ms < umbrales(i));
        sensi(i) = TP/Ls;

        %Hallo los verdaderos negativos, que es el numero de
sujetos cuyo
        %parametro es menor que el umbral
        TN = sum( Mc >= umbrales(i));
        especif(i) = TN/Lc;
    end
end

```

```

        precision(i) = (TP+ TN)/(Ls+Lc);
    else
        %Hallo los verdaderos positivos, que es el numero de sujetos
cuyo
        %parametro es menor que el umbral
        TP = sum( Ms >= umbrales(i));
        sensi(i) = TP/Ls;

        %Hallo los verdaderos negativos, que es el numero de
sujetos cuyo
        %parametro es menor que el umbral
        TN = sum( Mc < umbrales(i));
        especific(i) = TN/Lc;
        precision(i) = (TP+ TN)/(Ls+Lc) ;
    end

    distancia = sqrt(((1-sensi(i)).^2) + (1-especific(i)).^2);

    if distancia < dist
        dist = distancia;
        S = sensi(i);
        E = especific(i);
        P = precision(i);
    end

end

%ahora dibujo la curva ROC
% figure(1)
% plot(1-especific,sensi,'r')
% hold off

%Hallar el área bajo la curva ROC
AUROC = 0;
for i=1:Lumb-1
    trozo = (sensi(i) + sensi(i+1)) * abs(especific(i) - especific(i+1))
/2;
    AUROC = AUROC + trozo;
end

```

A.5.3 LDA_crossval_loo.m

```

function
[TP, TN, FP, FN, S, E, P, AUROC, pvalor, sensi, especific, Y_LDA]=LDA_crossval_loo(
Y, M)

% Función que aplica un proceso de análisis discriminante lineal (LDA)
% mediante validación cruzada dejando uno fuera (crossvalidation
% leave-one-out)
%
% Argumentos de entrada:
%
% Y: vector columna de observaciones. Deberá seguir un formato
% estándar de la forma:
%     - Las Nc primeras filas serán igual a 0, tantos como el
%     número de sujetos incluidos en el grupo de control (Nc)
%     - Las Ns filas siguientes serán igual a 1, tantos como el
%     número de pacientes en el grupo positivo (Ns)
% M: matriz con los datos de las variables independientes. Cada
% columna contendrá las observaciones de una variable independiente

% Argumentos de salida
% TP:      número de verdaderos positivos
% TN:      número de verdaderos negativos
% FP:      número de falsos positivos
% FN:      número de falsos negativos
% pvalor:  pvalor del parámetro con el test de Mann-Whitney
% S:      Valor de Sensibilidad óptimo
% E:      Valor de Especificidad óptimo
% P:      Valor de Precisión óptima
% sensi:   Vector de valores de sensibilidad para dibujar la
%          curva ROC
% especific: Vector de valores de especificidad para dibujar la
%          curva
%          ROC
% Y_LDA:   Vector correspondiente al clasificador LDA a partir
%          del que se calculan los valores desensibilidad y %
%          especificidad para dibujar la curva ROC
% AROC:    Área bajo la curva ROC

% Última modificación: 13 de Junio de 2014

% TFG: 'Análisis de la saturación de oxígeno en sangre para la ayuda
%       al diagnóstico del Síndrome de Apnea-hipopnea del Sueño en
%       niños'

% Número total de sujetos en la matriz de observaciones
N=length(Y);

% Número de sujetos pertenecientes al grupo de control
Nc=sum(Y==0);

% Número de sujetos pertenecientes al grupo positivo
Ns=sum(Y==1);

```

```

% Creamos un vector de índices
I=1:N;

% Inicializamos las estadísticas de clasificación diagnóstica
TP=0;
TN=0;
FP=0;
FN=0;

for i=1:N
    % Vector fila de observaciones de las variables independientes
    para el
    % sujeto dejado fuera en esta iteración
    S=M(i,:);

    % Eliminamos la fila de datos correspondiente al sujeto que se
    deja
    % fuera en esta iteración
    inds=find(I~=i);
    % Matriz de datos en la iteración
    Mloo=M(inds,:);
    [Mloo,mu,sigma] = zscore(Mloo);
    S = (S-mu) ./ (sigma);
    % Vector columna de observaciones en la iteración
    Yloo=Y(inds,:);

    Ys(i) = classify(S,Mloo,Yloo);

    if i<=Nc    % Sabemos que el sujeto pertenecía originalmente al
    grupo control
        if Ys(i)<0.5
            TN=TN+1;
        else
            FP=FP+1;
        end
    else    % Sabemos que el sujeto pertenecía originalmente al
    grupo positivo
        if Ys(i)>=0.5
            TP=TP+1;
        else
            FN=FN+1;
        end
    end
end
end
% TN+FP
% TP+FN

%Cálculo de los valores de Sensibilidad, Especificidad y Precisión
óptimos
S=(TP/Ns)*100;
E=(TN/Nc)*100;
P=100*(TP+TN)/N;

%Se procede a calcular los vectores de sensibilidad y especificidad
para
%dibujar la curva ROC
[class,err,posterior] = classify(M,M,Y);
Y_LDA = posterior(:,2);
Y_LDA_c = Y_LDA(1:Nc);

```

```

Y_LDA_s = Y_LDA(Nc+1:Nc+Ns);

pvalor = ranksum(Y_LDA_c,Y_LDA_s);

[especif,sensi,AUROC] = CurvaROC(Y_LDA_c,Y_LDA_s);

```

A.5.4 LR_crossval_loo.m

```

function
[TP, TN, FP, FN, S, E, P, AUROC, pvalor, sensi, especific, Y_LR]=LR_crossval_loo(Y,
M)

% Función que aplica un proceso de regresión logística (LR) mediante
% validación cruzada dejando uno fuera (crossvalidation leave-one-out)
%
% Argumentos de entrada:
%
% Y: vector columna de observaciones. Deberá seguir un formato
estándar
%   de la forma:
%       - Las Nc primeras filas serán igual a 0, tantos como el
número de
%       sujetos incluidos en el grupo de control (Nc)
%       - Las Ns filas siguientes serán igual a 1, tantos como el
número de
%       pacientes en el grupo positivo (Ns)
% M: matriz con los datos de las variables independientes. Cada
columna
%   contendrá las observaciones de una variable independiente

% Argumentos de salida
% TP:      número de verdaderos positivos
% TN:      número de verdaderos negativos
% FP:      número de falsos positivos
% FN:      número de falsos negativos
% S:       Valor de Sensibilidad óptimo
% E:       Valor de Especificidad óptimo
% P:       Valor de Precisión óptima
% AUROC:   Área bajo la curva ROC
% pvalor:  pvalor del parámetro con el test de Mann-Whitney
% sensi:   Vector de valores de sensibilidad para dibujar la
curva ROC
% especific: Vector de valores de especificidad para dibujar la
curva
%          ROC
% Y_LR:    Vector correspondiente al clasificador LR a partir del
que
%          se calculan los valores de sensibilidad y especificidad
para
%          dibujar la curva ROC

% Última modificación: 13 de Junio de 2014 (método originalmente
% programado por Daniel Álvarez %González) (método modificado por %
Fernando vaquerizo Villar)

```

```

% TFG: 'Análisis de la saturación de oxígeno en sangre para la ayuda
% al diagnóstico del Síndrome de Apnea-hipopnea del Sueño en
% niños'

% Número total de sujetos en la matriz de observaciones
N=length(Y);

% Número de sujetos pertenecientes al grupo de control
Nc=sum(Y==0);

% Número de sujetos pertenecientes al grupo positivo
Ns=sum(Y==1);

% Creamos un vector de índices
I=1:N;

% Inicializamos las estadísticas de clasificación diagnóstica
TP=0;
TN=0;
FP=0;
FN=0;

for i=1:N
    % Vector fila de observaciones de las variables independientes
    para el
    % sujeto dejado fuera en esta iteración
    S=M(i,:);

    % Eliminamos la fila de datos correspondiente al sujeto que se
    deja
    % fuera en esta iteración
    inds=find(I~=i);
    % Matriz de datos en la iteración
    Mloo=M(inds,:);
    [Mloo,mu,sigma] = zscore(Mloo);
    S = (S-mu) ./ (sigma);
    % Vector columna de observaciones en la iteración
    Yloo=Y(inds,:);
    Ybin=[Yloo ones(N-1,1)]; % Necesario para calcular RL mediante
    glmfit.m
    % Cálculo de los coeficientes de regresión

    B=glmfit(Mloo,Ybin,'binomial');

    % Clasificamos el sujeto dejado fuera en la iteración
    % Valor asignado al sujeto por la ecuación de regresión
    % Aplicamos la ecuación de regresión logística al sujeto
    Xs=B'*[1 S]';
    Ys(i)=1/(1+exp(-1*(Xs)));

    if i<=Nc % Sabemos que el sujeto pertenecía originalmente al
    grupo control
        if Ys(i)<0.5
            TN=TN+1;
        else
            FP=FP+1;
        end
    end
end

```

```

        end
    else % Sabemos que el sujeto pertenecía originalmente al
grupo positivo
        if Ys(i)>=0.5
            TP=TP+1;
        else
            FN=FN+1;
        end
    end
end
end
% TN+FP
% TP+FN

%Calculo de los valores de Sensibilidad, Especificidad y Precisión
óptimos
S=(TP/Ns)*100;
E=(TN/Nc)*100;
P=100*(TP+TN)/N;

%Se procede a calcular los vectores de sensibilidad y especificidad
para
%dibujar la curva ROC
B=glmfit(M,[Y ones(N,1)],'binomial');

X=B'*[ones(N,1) M]';
Y_LR=1./(1+exp(-1.*(X)));

Y_LR_c = Y_LR(1:Nc);
Y_LR_s = Y_LR(Nc+1:Nc+Ns);

pvalor = ranksum(Y_LR_c,Y_LR_s);

[especif,sensi,AUROC] = CurvaROC(Y_LR_c,Y_LR_s);

```

Apéndice B: PLIEGO DE CONDICIONES

Este documento contiene las condiciones legales que guiarán la realización del proyecto “Análisis de la saturación de oxígeno en sangre para la ayuda al diagnóstico del Síndrome de Apnea-hipopnea del Sueño en niños”.

En lo que sigue se supondrá que el proyecto ha sido encargado por una empresa cliente a una empresa consultora con la finalidad de utilizar la oximetría como método diagnóstico del SAHS en niños. Dicha empresa ha debido desarrollar una línea de investigación con el objeto de llevar a cabo el proyecto. Esta línea de investigación, junto con el posterior desarrollo del programa, está amparada por las condiciones particulares del siguiente pliego. Supuesto que la utilización industrial de los métodos recogidos en el presente proyecto ha sido decidida por parte de la empresa cliente o de otras, la obra a realizar se regulará por las siguientes condiciones:

Condición 1

La modalidad de contratación será el concurso. La adjudicación se hará por tanto a la proposición más favorable, sin atender exclusivamente al valor económico, dependiendo de las mayores garantías ofrecidas. La empresa que somete el proyecto a concurso se reserva el derecho de declararlo desierto.

Condición 2

El montaje y mecanización completa de los equipos que intervengan, será realizado totalmente por la empresa licitadora.

Condición 3

En la oferta se hará constar el precio total por el que se compromete a realizar la obra y el tanto por ciento de baja que supone este precio en relación con un importe límite si este se hubiera fijado.

Condición 4

La obra se realizará bajo la dirección técnica de un Ingeniero Superior de Telecomunicación, auxiliado por el número de Ingenieros Técnicos que sea preciso para el desarrollo de la misma.

Condición 5

Aparte del Director, el contratista tendrá derecho a contratar al resto del personal, pudiendo ceder esta prerrogativa a favor del Ingeniero Director, quien no está obligado a aceptarla.

Condición 6

El contratista tiene derecho a sacar copias a su costa de los planos, pliego de condiciones y presupuestos. El Ingeniero autor del proyecto autorizará con su firma las copias solicitadas por el contratista después de confrontarlas.

Condición 7

Se abonará al contratista la obra que realmente ejecute con sujeción al proyecto que sirvió de base para la contratación, a las modificaciones autorizadas por la superioridad o a las órdenes que con arreglo a sus facultades le haya comunicado por escrito el Ingeniero Director de obras siempre que dicha obra se haya ejecutado a los preceptos de los pliegos de condiciones, de acuerdo a los cuales se harán modificaciones y la valoración de las diversas unidades, sin que el importe total pueda exceder de los presupuestos aprobados. Por consiguiente, el número de unidades que se consignan en el proyecto o en el presupuesto no podrán servirle de fundamento para entablar reclamaciones de ninguna clase, salvo en los casos de rescisión.

Condición 8

Tanto en las certificaciones de la obra como en la liquidación final, se abonarán los trabajos realizados por el contratista a los precios de ejecución material que figuran en el presupuesto para cada unidad de la obra.

Condición 9

Si excepcionalmente se hubiera ejecutado algún trabajo que no se ajustase a las condiciones de la contrata, pero que sin embargo es admisible a juicio del Ingeniero Director de obras, se dará conocimiento a la Dirección, proponiendo a la vez la rebaja de precios que el Ingeniero considere justa y si la Dirección resolviera aceptar la obra, quedará el contratista obligado a conformarse con la rebaja acordada.

Condición 10

Cuando se juzgue necesario emplear materiales o ejecutar obras que no figuren en el presupuesto de la contrata, se evaluará su importe a los precios asignados a otras obras o materiales análogos si los hubiere, y cuando no, se discutirán entre el Ingeniero Director y el contratista, sometiéndolos a la aprobación de la Dirección. Los nuevos precios convenidos por uno u otro procedimiento se sujetarán siempre al establecido en el punto anterior.

Condición 11

Cuando el contratista, con la autorización del Ingeniero Director de obras, emplee material de calidad más elevada o de mayores dimensiones de lo estipulado en el proyecto, o sustituya una clase de fabricación por otra que tenga asignado mayor precio, ejecute con mayores dimensiones cualquier otra parte de las obras, o en general, introduzca en ellas cualquier modificación que sea beneficiosa a juicio del Ingeniero Director de obras, no tendrá derecho sino a lo que le correspondería si se hubiera realizado la obra con estricta sujeción a lo proyectado y contratado.

Condición 12

Las cantidades calculadas para obras accesorias, aunque figuren por partida alzada en el presupuesto final (general), no serán abonadas sino a los precios de la contrata, según las condiciones de la misma y los proyectos particulares que para ella se formen, o en su defecto, por lo que resulte de su medición final.

Condición 13

El contratista queda obligado a abonar al Ingeniero autor del proyecto y director de obras, así como a los Ingenieros Técnicos, el importe de sus respectivos honorarios facultativos por formación del proyecto, dirección técnica y administración en su caso, con arreglo a las tarifas y honorarios vigentes.

Condición 14

Concluida la ejecución de la obra, será reconocida por el Ingeniero Director que a tal efecto designe la empresa.

Condición 15

La garantía definitiva será del 4% del presupuesto y la provisional del 2%.

Condición 16

La forma de pago será por certificaciones mensuales de la obra ejecutada de acuerdo con los precios del presupuesto, deducida la baja si la hubiera.

Condición 17

La fecha de comienzo de las obras será a partir de los quince días naturales del replanteo oficial de las mismas, y la definitiva, al año de haber ejecutado la provisional, procediéndose si no existe reclamación alguna a la reclamación de la fianza.

Condición 18

Si el contratista, al efectuar el replanteo, observase algún error en el proyecto, deberá comunicarlo en el plazo de quince días al Ingeniero Director de obras, pues transcurrido ese plazo será responsable de la exactitud del proyecto.

Condición 19

El contratista está obligado a designar una persona responsable que se entenderá con el Ingeniero Director de obras o con el delegado que este designe, para todo lo relacionado con ella. Al ser el Ingeniero Director de obras el que interpreta el proyecto, el contratista deberá consultarle cualquier duda que surja en su realización.

Condición 20

Durante la realización de la obra, se girarán visitas de inspección por personal facultativo de la empresa cliente, para hacer las comprobaciones que se crean oportunas. Es obligación del contratista la conservación de la obra ejecutada hasta la recepción de la misma, por lo que el deterioro total o parcial de ella, aunque sea por agentes atmosféricos u otras causas, deberá ser reparado o construido por su cuenta.

Condición 21

El contratista deberá realizar la obra en el plazo mencionado a partir de la fecha del contrato, incurriendo en multa por retraso en la ejecución siempre que este no sea debido a causas de fuerza mayor. A la terminación de la obra se hará una recepción provisional previo reconocimiento y examen por la dirección técnica, el depositario

de efectos, el interventor y el jefe de servicio o un representante, estampando su conformidad el contratista.

Condición 22

Hecha la recepción provisional, se certificará al contratista el resto de la obra, reservándose la administración el importe de los gastos de conservación de la misma hasta su recepción definitiva y la fianza durante el tiempo señalado como plazo de garantía. La recepción definitiva se hará en las mismas condiciones que la provisional, extendiéndose el acta correspondiente. El Director Técnico propondrá a la Junta Económica la devolución de la fianza al contratista de acuerdo con las condiciones económicas establecidas.

Condición 23

Las tarifas para la determinación de honorarios, reguladas por orden de la Presidencia del Gobierno el 19 de Octubre de 1961, se aplicarán sobre el denominado en la actualidad “Presupuesto de Ejecución por contrata”, y anteriormente llamado “Presupuesto de Ejecución Material” que hoy designa otro concepto.

La empresa constructora, que ha desarrollado este proyecto, lo entregará a la empresa cliente bajo las condiciones generales ya formuladas, debiendo añadirse las siguientes condiciones particulares:

Condición particular 1

La propiedad intelectual de los procesos descritos y analizados en el presente trabajo pertenece por entero a la empresa constructora representada por el Ingeniero Director del Proyecto.

Condición particular 2

La empresa constructora se reserva el derecho a la utilización total o parcial de los resultados de la investigación realizada para desarrollar el siguiente proyecto, bien para su publicación o bien para su uso en trabajos posteriores, para la misma empresa cliente o para otra.

Condición particular 3

Cualquier tipo de reproducción aparte de las reseñadas en las condiciones generales bien sea para uso particular de la empresa cliente, o para cualquier otra aplicación, contará con la autorización expresa y por escrito del Ingeniero Director del Proyecto, que actuará en representación de la empresa consultora.

Condición particular 4

En la autorización se ha de hacer constar la aplicación a que se destinan sus reproducciones así como su cantidad.

Condición particular 5

En todas las reproducciones se indicará su procedencia, explicando el nombre del proyecto, nombre del Ingeniero Director y empresa consultora.

Condición particular 6

Si el proyecto pasa a la etapa de desarrollo, cualquier modificación que se realice sobre él, deberá ser notificada al Ingeniero Director del Proyecto y a criterio de este, la empresa consultora decidirá aceptar o no la modificación propuesta.

Condición particular 7

Si la modificación se acepta, la empresa consultora se hará responsable al mismo nivel que el proyecto inicial del que resulta al añadirla.

Condición particular 8

Si la modificación no es aceptada, por el contrario, la empresa consultora declinará toda responsabilidad que se derive de la aplicación o influencia de la misma.

Condición particular 9

Si la empresa cliente decide desarrollar industrialmente uno o varios productos en los que resulte parcial o totalmente aplicable el estudio de este proyecto, deberá comunicarlo a la empresa consultora.

Condición particular 10

La empresa consultora no se responsabiliza de los efectos laterales que se puedan producir en el momento en que se utilice la herramienta objeto del presente proyecto para la realización de otras aplicaciones.

Condición particular 11

La empresa consultora tendrá prioridad respecto a otras en la elaboración de los proyectos auxiliares que fuese necesario desarrollar para dicha aplicación industrial, siempre que no haga explícita renuncia de este hecho. En este caso deberá autorizar expresamente los proyectos presentados por otros.

Condición particular 12

El Ingeniero Director del proyecto será responsable de la dirección de la aplicación industrial siempre que la empresa consultora lo estime oportuno. En caso contrario, la persona asignada deberá contar con la autorización del mismo, quien delegará en él las responsabilidades que ostente.

Los requisitos que han sido necesarios para la elaboración del proyecto son:

DOCUMENTACIÓN

- Servicio de la Biblioteca del Campus Miguel Delibes de la Universidad de Valladolid.
- Biblioteca personal del Grupo de Ingeniería Biomédica de la Universidad de Valladolid
- Acceso a Internet a través del Laboratorio 2L027 del Grupo de Ingeniería Biomédica de la Escuela Técnica Superior de Ingenieros de Telecomunicación de Valladolid.

HARDWARE

- Polígrafo eXim Apnea Polygraph (Bitmed ®, Sibel S.A., Barcelona, Spain).
- Ordenador Intel (R) Core (TM)2 Quad CPU Q9550 con 4 GB de RAM
- Ratón Óptico Logitech RX 250.
- Monitor LCD AL1916.
- Teclado Logitech 250.
- Memoria USB Toshiba.
- CD-ROMs.

SOFTWARE

- Señales de saturación de oxígeno en sangre registradas mediante un equipo de poligrafía Polígrafo eXim Apnea Polygraph proporcionados por la Doctora María Luz Alonso Álvarez del Hospital Universitario de Burgos.
- Microsoft® Windows 7 Professional (5.00.2195).
 - Copyright© 2009, Microsoft Corporation.
- Matlab® 7.14.0.739 (R2012a).
 - Copyright© 1984-2012, The MathWorks, Inc.
- Microsoft® Office Professional Plus 2010 (14.0.7116.5000).
 - Copyright© 2010, Microsoft Corporation.
- Microsoft® Paint 6.1.
 - Copyright© 2009, Microsoft Corporation.

- Adobe® Acrobat® 8 Professional 8.1.0.
 - Copyright© 1984-2007, Adobe Systems y sus concesionarios de licencia.
- Google Chrome® 35.0.1916.114 m
 - Copyright© 2014, Google Inc.
- IBM® SPSS® Statistics 19.0.0(19).
 - Copyright© 1989-2010, IBM Corporation.

Apéndice C: PRESUPUESTO

El presupuesto estimado de acuerdo con las condiciones expuestas en el pliego de condiciones es el siguiente:

Ejecución Material

Equipo Intel (R) Core (TM)2 Quad CPU Q9550 con 4 GB de RAM.....	700,00€
Ratón Óptico Logitech RX 250.....	20,00€
Monitor LCD AL1916.....	150,00€
Teclado Logitech 250.....	20,00€
Polígrafo eXim Apnea Polygraph (Bitmed ®, Sibel S.A., Barcelona, Spain).....	4950,00€
Software empleado.....	750,00 €

Total Ejecución Material.....	6590,00€
--------------------------------------	-----------------

Gastos Generales

16 % sobre la ejecución material.....	1054,40€
--	-----------------

Beneficio Industrial

6 % sobre la ejecución material.....	395,40€
---	----------------

Material Fungible

CD-ROMs.....	2.00 €
--------------	--------

Memoria USB Toshiba 64 GB.....	50.00 €
<hr/>	
Total Material Fungible.....	52,00€
Honorarios del Trabajo	
300 horas a 30 €/hora.....	9000,00 €
<hr/>	
Subtotal del trabajo.....	17091,80 €
I.V.A. Aplicable	
21 % del subtotal del proyecto.....	2959,28€
<hr/>	
TOTAL del trabajo.....	20051,08€

El total del presente presupuesto, asciende a:

VEINTE MIL CINCUENTA Y UN EUROS CON OCHO CÉNTIMOS DE EURO

En Valladolid, 8 de Julio de 2014:

Fdo: Fernando Vaquerizo Villar