

OPTIMIZACIÓN DE LA RELACIÓN SEÑAL A RUIDO
EN EL REGISTRO DE POTENCIALES EVOCADOS
AUDITIVOS DE LATENCIA MEDIA

TESIS QUE PRESENTA

Rubén Gaitán Ortiz

PARA OBTENER EL GRADO DE

MAESTRO EN CIENCIAS (INGENIERÍA BIOMÉDICA)

Asesores:

M. en C. Óscar Yáñez Suárez

M. en C. Juan Manuel Cornejo Cruz

Sinodales:

Dr. Martín Oswaldo Méndez García Universidad Autónoma de San Luis Potosí

Dra. Norma Castañeda Villa Universidad Autónoma Metropolitana

M. en C. Óscar Yáñez Suárez Universidad Autónoma Metropolitana



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA METROPOLITANA – IZTAPALAPA

DIVISIÓN DE CIENCIAS BÁSICAS E INGENIERÍA

18 de enero de 2013

*Wenn es sich um Wahrheit und Gerechtigkeit handelt,
gibt es nicht die Unterscheidung zwischen
kleinen und großen Problemen.*

Albert Einstein

A todos mis maestros, empezando por los mejores y a quienes debo todo

Rubén, Marisol, Jessica y Gustavo.

A todos mis amigos, quienes siempre saben hacerme reír y crecer

Miriam, Roberto, Mónica, Alex G, Gersom, Fernando,

Daniel Sánchez, Lilián, Alex C, Marce, Rafa Arteaga,

Montse, Elisa, Claus y Luis.

A Innovamédica y Alandra Medical por el crecimiento profesional

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología

por el apoyo recibido durante la realización de mis estudios de maestría



Índice general

	II
Resumen	IX
Abstract	XI
Introducción	1
1. Marco teórico	5
1.1. Valoración de la capacidad auditiva	5
1.1.1. Contexto clínico	5
1.1.2. Audiometría conductual	8
1.2. Potenciales evocados	12
1.2.1. Potenciales evocados auditivos	13
1.2.2. Adquisición y procesamiento de potenciales evocados	19
Objetivos	25
2. Metodología	27
2.1. Resumen	27
2.2. Función de calidad	30
2.2.1. Índice FSP	30
2.2.2. Separación de subespacios	33
2.2.3. Condicionamiento de la función de calidad	55
2.3. Algoritmos genéticos	57

2.3.1. Contexto	57
2.3.2. Descripción	58
2.3.3. Ejemplos	62
2.3.4. Aplicación a potenciales evocados	65
2.4. Valoración de semejanza y consistencia de selección	71
2.4.1. Distancia de Mahalanobis	71
2.4.2. Suma cuadrática de residuos	74
2.4.3. Consistencia de selección	74
2.4.4. Selección de parámetros	75
3. Resultados	79
3.1. Selección de parámetros	79
3.1.1. Análisis general	79
3.1.2. Análisis por intensidad y frecuencia de estimulación	83
3.2. Procesamiento de registros utilizando los parámetros óptimos	83
3.2.1. Optimización de la SNR utilizando ordenamiento espectral por varianza	84
3.2.2. Optimización de la SNR utilizando la función de calidad de ordenamiento espectral por cociente	88
3.2.3. Optimización de la SNR utilizando la función de calidad FSP	92
3.2.4. Selección aleatoria y promedio sin selección	92
3.2.5. Procesamiento de registros sin respuesta evocada	96
4. Discusión y Conclusiones	101
A. Simbología	109
B. Protocolo de adquisición	113
B.1. Infraestructura y materiales utilizados	113
B.2. Generación de tonos de estimulación	113
B.3. Configuración del sistema de adquisición	114
B.3.1. Submuestreo óptimo	114
B.4. Selección y preparación de voluntarios	117
B.5. Adquisición de PEALM	118
B.5.1. Almacenamiento de señales	118
C. Diagramas a bloques	119
D. Análisis de parámetros por intensidad y por frecuencia	131
D.1. Análisis por intensidad	131
D.2. Análisis por frecuencia	131

E. Código Matlab	137
E.1. Algoritmo genético para maximización de funciones bivariadas	137
E.2. Promedio Óptimo	139
E.3. Cargar estudio de PEALM	140
E.4. Parámetros algoritmo genético	140
E.5. Algoritmo genético	140
E.6. Identificar épocas seleccionadas	141
E.7. Calcular promedio y Transformada Inversa de Karhunen - Loève	142
E.8. Cargar datos	144
E.9. Estimar ancho de banda	145
E.10. Generar población	147
E.11. Cruce y mutación	148
E.12. Evaluar población	148
E.13. Función de costo FSP	150
E.14. Función de costo Ordenamiento espectral por cociente	151
E.15. Función de costo Ordenamiento espectral por varianza	153
E.16. Recursión de Levinson - Durbin	154

Resumen

La valoración de la capacidad auditiva constituye uno de los mayores retos que los audiólogos enfrentan en la práctica clínica. Las técnicas de valoración van desde la observación del comportamiento del paciente ante la presencia de sonido (audiometría conductual), hasta la adquisición y análisis de potenciales evocados obtenidos a partir de la estimulación del paciente con señales auditivas particulares.

La audiometría conductual ofrece información valiosa únicamente cuando el paciente tiene las capacidades mentales y físicas que le permiten prestar atención y participar activamente en la prueba. En contraste, la valoración mediante potenciales evocados puede utilizarse en neonatos, personas con discapacidad mental o motriz o cuando el médico tratante necesita información detallada sobre el estado de las vías auditivas.

Dada su relación directa con procesos auditivos y cognitivos, los potenciales evocados constituyen una herramienta de valoración fidedigna. En el entorno clínico un audiólogo puede adquirirlos a diferentes intensidades y frecuencias y tomar decisiones clínicas basadas en su morfología, amplitud y latencia. No obstante el valor clínico de estas señales, complicaciones prácticas como la necesidad de limpiar el cuero cabelludo para remover suciedad y grasa, y la necesidad de mantener al sujeto en estado de sueño profundo para

obtener una relación señal a ruido aceptable, limitan el uso clínico de los potenciales evocados.

En investigación biomédica la calidad de la señal es aumentada mediante la aplicación de técnicas avanzadas de procesamiento de señales como filtrado adaptativo, algoritmos de reconocimiento de patrones, análisis de componentes principales y análisis de componentes independientes, entre otras. No obstante la utilidad de estas técnicas, su aplicación se restringe generalmente al ambiente académico debido a que el personal de atención a la salud no está familiarizado con la teoría matemática detrás de dichos algoritmos. En el ambiente clínico el procesamiento de las señales electroencefalográficas generalmente se limita al filtrado analógico y digital de las señales para eliminar artefactos de movimiento o señales relacionadas con actividad eléctrica del corazón, de la cabeza y del cuello.

Además del filtrado analógico y digital, una estrategia clínica común es analizar visualmente la morfología y amplitud del electroencefalograma para desechar épocas contaminadas por ruido o por otros fenómenos electrofisiológicos y preservar únicamente aquellas que contengan información relevante sobre la respuesta evocada subyacente. Si bien la discriminación por amplitud puede ser automatizada fácilmente, la discriminación morfológica requiere intervención del especialista.

En este trabajo se aborda la necesidad clínica de automatizar la selección de épocas para obtener respuestas evocadas morfológicamente equivalentes a aquellas obtenidas mediante la selección visual de épocas. La propuesta de valor consiste en generar una herramienta que asista a los audiólogos en la selección de épocas para obtener respuestas evocadas de buena calidad de forma que su amplitud y latencia sea fácilmente cuantificable para tomar decisiones clínicas. Es importante mencionar que las señales resultantes deben mantener consistencia con los umbrales auditivos del sujeto de forma que las respuestas evocadas sean distinguibles únicamente cuando el sujeto tenga la capacidad de percibir estímulos auditivos.

La metodología propuesta utiliza algoritmos genéticos para maximizar la calidad de la señal promediada a través de la combinación iterativa de conjuntos de épocas. El algoritmo crea subconjuntos aleatorios e identifica aquellos con mayor información mediante funciones de calidad diseñadas a partir del índice FSP y del análisis espectral de los componentes principales de la señal. Las funciones de calidad propuestas dependen de parámetros que fueron optimizados de forma que las señales resultantes mantengan equivalencia morfológica con las señales obtenidas mediante la selección de épocas por parte de un especialista.

Los resultados muestran que la metodología propuesta identifica conjuntos de épocas cuyo promedio de ensamble es morfológicamente equivalente al promedio de ensamble de las épocas seleccionadas por un especialista. Al mismo tiempo las señales resultantes son reconocibles como potenciales evocados únicamente cuando el paciente tiene la capacidad auditiva para percibir los estímulos enviados, de esta forma el algoritmo tiene la capacidad de incrementar la calidad de las respuestas evocadas sin generar señales sin sustento fisiológico.

Los resultados de este trabajo fueron publicados en la 5ta. Conferencia Internacional de la Sociedad de Ingeniería en Neurología de la IEEE bajo el siguiente título:

R. Gaitan-Ortiz, O. Yanez-Suarez, J. M. Cornejo-Cruz, "Evoked Potentials SNR maximization by PCA and Genetic Algorithms", *5th International IEEE/EMBS Conference on Neural Engineering*, pp. 166-169, 2011.

Abstract

Estimation of the auditory capacity constitutes one of the most challenging tasks that audiologists face in clinical practice. Screening techniques range from the observation of the patient's behavior at the presence of sound, to the acquisition and analysis of the evoked potentials elicited by particular auditory stimuli. Behavioral testing can be easily completed only when the patient is mentally and physically able to participate in the trial, whereas evoked potential testing may be needed for assessing newborns or handicapped individuals, or when detailed information about the state of the auditory pathway is required.

Given their direct relationship to auditory and cognitive processes, evoked potentials constitute a trustworthy tool for determining the auditory capacity of an individual. In a clinical setting an audiologist would acquire them at different sound intensities and frequencies and would make clinical decisions based on their latency, amplitude and morphology. Notwithstanding the clinical value of such signals, nuisances like cleaning oils from the scalp for obtaining an acceptable signal-to-noise ratio and needing the subject to enter deep sleep stages for acquiring high quality records, limit the clinical exploitation of these signals.

In biomedical research areas, signal quality is improved by applying state-of-the-art signal processing techniques that include adaptive filtering, pattern recognition algorithms, principal component analysis and independent component analysis, among others. Regardless the advantages of such techniques, their application is often restricted to academic research because audiologist and physicians are not familiar with the mathematical theory behind them, so signal processing in a clinical setting is often limited to simple analog and digital filtering that the audiologist may use to eliminate high frequency noise related to muscular activity, electrode artifacts and subject awakening.

Besides simple filtering, a common clinical strategy to improve the quality of the acquired signals is to analyze the amplitude and morphology of EEG trials and dismiss those whose amplitude is higher than a given threshold or it's morphology is suspected to be contaminated by physiological phenomena different to auditory processes. Amplitude rejection can be automated by the acquisition device whereas morphological analysis is likely to require intervention of the audiologist to visually analyze each trial.

This work addresses the clinical need of automating trial selection for obtaining evoked responses morphologically equivalent to those obtained by visually selecting trials. The value proposition is to generate a tool to assist audiologists on selecting electroencephalogram trials to obtain evoked responses with maximum quality, so amplitude and latency can be easily quantified to make clinical decisions. It is important to mention that the resulting signals must hold consistency with the auditory thresholds of the subject, this means that evoked responses shall be distinguishable only when the subject is capable of perceiving auditory stimuli.

The proposed methodology utilizes genetic algorithms to maximize the quality of the averaged signal by iteratively combining trial sets. The algorithm creates random sets and identifies the fittest ones by means of suitable quality functions which are based on the FSP score and spectral analysis of the principal components of the signal. All of the

proposed quality functions depend on parameters that were optimized and tested to make the resulting averaged signals morphologically equivalent to those obtained by a specialist.

Results show that the proposed methodology identifies trial sets whose average is morphologically equivalent to the average of trials selected by a specialist. At the same time the resulting signals are distinguishable as evoked potentials only when the subject has an auditory capacity that allows him to perceive the eliciting stimuli, so the algorithm is capable of improving the quality of the signal by the sole selection of trials without creating evoked responses where there are none. This means that the algorithm has the potential of helping audiologists on determining auditory thresholds for identifying hearing impaired patients.

This work has been presented presented at the 5th International Conference of the IEEE Neural Engineering Society under the title:

R. Gaitan-Ortiz, O. Yanez-Suarez, J. M. Cornejo-Cruz, "Evoked Potentials SNR maximization by PCA and Genetic Algorithms", *5th International IEEE/EMBS Conference on Neural Engineering*, pp. 166-169, 2011.

Introducción

La audición es un proceso fisiológico y psicológico que en conjunto con el resto de los sentidos otorga al individuo la capacidad de interactuar con su medio externo físico y social. En términos físicos la audición permite al individuo percibir fluctuaciones de presión en el medio externo y por ejemplo, identificar rápidamente situaciones de peligro. En términos sociales la audición otorga al individuo la capacidad de comunicarse con otros individuos y transmitir por ejemplo, ideas y deseos. Cuando un individuo disfruta de una capacidad auditiva normal le resulta natural integrarse a su grupo social y los procesos de aprendizaje e interacción son dados por obvios, en cambio cuando un individuo posee una capacidad auditiva por debajo de lo normal, los procesos de aprendizaje e integración suelen representar problemas que derivan en un desarrollo del lenguaje limitado, aprovechamiento escolar deficiente y en general en dificultades de interacción con el grupo social [1].

La identificación de deficiencias en la audición y la adopción de medidas tempranas son esenciales para permitirle al individuo desarrollar sus capacidades en forma óptima e integral. Para tal efecto existen pruebas clínicas enfocadas a valorar la conducción, percepción y cognición del sonido. Como ejemplo pueden citarse la otoscopia, la audiometría conductual, la adquisición de potenciales evocados y la logaudiometría.

Una prueba otoscópica consiste en visualizar las estructuras anatómicas del oído externo y tiene el objetivo de identificar alteraciones u obstrucciones que impidan la libre propagación de las ondas sonoras desde el exterior hasta la membrana timpánica. Por otra parte las pruebas de audiometría conductual consisten en observar al individuo e inferir su capacidad auditiva con base en su comportamiento ante la presencia de sonido. Estas pruebas tienen la desventaja de depender del nivel de atención del individuo y de su capacidad para responder por lo que los resultados son inherentemente subjetivos.

Como alternativa a la audiometría conductual se tiene la prueba de potenciales evocados que consiste en analizar las respuestas eléctricas que el sistema nervioso auditivo genera ante la presencia de sonido. Estas pruebas permiten examinar los fenómenos neurofisiológicos que se desencadenan durante los procesos de audición y no dependen del nivel de atención del individuo. Finalmente las pruebas de cognición como la logoaudiometría permiten valorar la capacidad del individuo para entender el significado de los sonidos que percibe [1].

Ante una audición deficiente generalmente se toman medidas como recetar el uso de dispositivos electrónicos que auxilien o suplan los procesos fisiológicos de la audición. Estos dispositivos pueden resumirse en auxiliares amplificadores de sonido, auxiliares por conducción ósea e implantes cocleares. Los auxiliares amplificadores de sonido funcionan captando, amplificando y transmitiendo dentro del canal auditivo las ondas sonoras presentes en el medio. De forma similar los auxiliares por conducción ósea captan y amplifican el sonido pero lo transmiten a través del cráneo; este tipo de auxiliares se utilizan cuando el sonido no puede ser transmitido a través del canal auditivo. Finalmente, los implantes cocleares son el último recurso y se utilizan cuando ninguna de las estructuras del oído es funcional, estos auxiliares funcionan estimulando las células ciliadas dentro de la cóclea, al hacer esto el sistema auditivo central puede transmitir impulsos nerviosos que la corteza auditiva interpreta como sonido [1].

Este trabajo se centra en la valoración de la capacidad auditiva mediante potenciales evocados y en particular en el procesamiento matemático que se requiere para extraer información diagnóstica de estas señales. La contribución al estado del arte consiste en

una herramienta de procesamiento de señales que resalta la respuesta auditiva de interés a través de la combinación iterativa de las señales eléctricas generadas por el sistema nervioso auditivo central ante sonidos específicos.

Este trabajo se desarrolla en el marco de la investigación realizada en el Laboratorio de Audiología de la Universidad Autónoma Metropolitana alrededor de la valoración objetiva de la capacidad auditiva y la adaptación de auxiliares auditivos e implantes cocleares a las necesidades de cada paciente [2].

Capítulo 1

Marco teórico

1.1. Valoración de la capacidad auditiva

1.1.1. Contexto clínico

La valoración de la capacidad auditiva es una herramienta que permite la detección y evaluación de condiciones de discapacidad que pueden tener un impacto negativo en el desarrollo y en la vida diaria de una persona. Los pacientes que son referidos a valoración generalmente tienen antecedentes sociales y personales que hacen sospechar que su capacidad auditiva está afectada. Por otra parte, la valoración puede ser solicitada por otras áreas de atención a la salud como por ejemplo neurología, donde el médico tratante podría sospechar de tumefacciones cercanas al octavo par craneal, o neurolingüística donde podría ser necesario conocer el estado de la vía auditiva para comprender limitaciones en las habilidades de comunicación oral del paciente [1].

La capacidad auditiva se clasifica en seis niveles definidos por el *Bureau International d'Audiophonologie* [3] en función de la mínima intensidad sonora que una persona puede percibir. Estos niveles se resumen en la tabla 1.1 (nótese que la intensidad de sonido

está reportada en decibeles *Hearing Level* abreviados dB_{HL} , esta medición de intensidad se basa en el umbral de audición humana de forma que 0 dB_{HL} corresponde a la intensidad mínima que en promedio una persona capta a una frecuencia dada [1]).

Intervalo [dB_{HL}]	Clasificación
≤ 20	Audición normal o pérdida sin consecuencias sociales.
21 - 40	Pérdida ligera. El habla es percibida si la voz es normal, surgen dificultades al intentar oír murmullos pero la mayoría de los sonidos de la vida diaria son percibidos.
41 - 70	Pérdida moderada de primer grado (41 - 55) dB_{HL} o pérdida moderada de segundo grado (56, 70) dB_{HL} . El habla es percibida si la voz es fuerte, el sujeto entiende mejor si puede ver a su interlocutor. Algunos sonidos de la vida diaria son aún percibidos.
71 - 90	Pérdida severa de primer grado (71, 80) dB_{HL} o pérdida severa de segundo grado (81, 90) dB_{HL} . El habla es percibida si la voz es fuerte y se habla al oído.
91 - 120	Pérdida profunda. Sólo se perciben sonidos muy fuertes, no se percibe el habla.
> 120	Pérdida total. No se percibe sonido alguno.

Tabla 1.1: Clasificación del umbral auditivo

El procedimiento de valoración comienza con la inspección del oído externo y el oído medio. En este punto el especialista analiza mediante un otoscopio cambios estructurales que derivan fácilmente en disminución de la capacidad auditiva; estos cambios pueden consistir en estenosis del canal, acumulación y compactación de cerumen o en la presencia de cuerpos ajenos al canal auditivo. En este punto el tratamiento puede consistir en la simple remoción del cuerpo que genera obstrucción [1].

Posterior a la inspección otoscópica se realiza la evaluación de la función del oído externo y el oído medio mediante pruebas como la timpanometría o las emisiones otoacústicas, en este punto se pueden identificar condiciones como las que se enlistan a continuación [1]:

Presión negativa: Ocurre cuando las trompas de Eustaquio no funcionan adecuadamente debido a alguna obstrucción en las vías respiratorias altas, bajo esta condición existe un desequilibrio en la presión del oído medio que provoca cambios de impedancia acústica.

Incremento significativo de masa: Es una consecuencia de la presencia de presión negativa en donde la mucosa del oído medio comienza a secretar fluido que bloquea la transmisión de sonido de la membrana timpánica a la cadena osicular. Del mismo modo el crecimiento celular anormal genera un incremento significativo en la masa del oído medio afectando la transmisión de sonido de alta frecuencia.

Incremento de rigidez: Es una consecuencia de la esclerosis de la cadena osicular que resulta en la fusión del estribo con la ventana oval, esta modificación de impedancia mecánica afecta la transmisión de sonido de baja frecuencia.

Disminución de rigidez: Se genera por la desarticulación o ruptura del tímpano o la cadena osicular, esta condición resulta en una severa afectación de la transmisión de sonido en todo el espectro.

El siguiente paso en la valoración de la capacidad auditiva consiste en estimar el umbral de intensidad acústica mínima a la cual el paciente comienza a experimentar sensaciones auditivas. La determinación de este umbral suele ser el punto más complicado de la valoración debido a que los enfoques tradicionales se basan en la observación de la respuesta conductual del paciente cuando éste es sometido a estimulación sonora. Generalmente el especialista clínico instruye al paciente para efectuar cierta acción como presionar un botón o levantar la mano cuando perciba alguna sensación auditiva y a partir de sus respuestas determina el umbral auditivo; la complicación de este enfoque surge cuando el paciente no presta la atención requerida o no responde oportunamente ya sea porque se distrae fácilmente, porque no tiene la capacidad o porque el paciente miente deliberadamente.

A continuación se describe la prueba de audiometría conductual que pese a sus limitaciones es la prueba más común para determinar el umbral auditivo. En la sección 1.2 se describe una alternativa basada en la observación de respuestas electrofisiológicas del paciente conocidas como **potenciales evocados auditivos** donde la observación de estas respuestas permite eliminar la intervención consciente del paciente al basar el criterio de

determinación del umbral en la presencia de actividad eléctrica neuronal en la corteza cerebral y en las vías auditivas.

1.1.2. Audiometría conductual

La audiometría conductual es la prueba por excelencia para valorar la sensibilidad auditiva. Esta herramienta consiste en someter al paciente a estimulación mediante tonos de frecuencia específica y determinar el umbral de audición mínima. La prueba suele conducirse en la banda espectral de mayor relevancia para la comunicación humana, de forma que los tonos utilizados se encuentran en el intervalo de 125 a 8000 Hz espaciados en octavas con múltiplos de 1000 Hz como frecuencias intermedias. En otras palabras las frecuencias de mayor interés clínico son 125, 250, 500, 1000, 2000, 3000, 4000, 5000 y 8000Hz; por otro lado el umbral de audición mínima suele examinarse en el rango de 0 a 110 dB_{HL} en intervalos de 5 o 10 dB_{HL} [1].

Las pruebas de audiometría pueden implementarse de forma que se examine la función de un solo oído (audiometría monoaural) o de ambos oídos a la vez (audiometría binaural). En el primer caso los estímulos auditivos son presentados mediante audífonos supra aurales o audífonos de inserción de forma que un audífono emite los tonos de prueba mientras el otro permanece inactivo o bien presenta ruido acotado en banda con la finalidad de mantener *ocupado* al oído no examinado y enmascarar cualquier fracción del tono transmitida a través del cráneo del paciente controlando de esta forma el fenómeno de diafonía (en inglés *crosstalk*). En el segundo caso los tonos pueden ser presentados a través de audífonos con ambos canales activos o bien a través de un altavoz colocado a cierta distancia del paciente a la altura de su cabeza [1].

La presentación de estímulos mediante audífonos o altavoces implica que las ondas sonoras deben ser transmitidas a través del aire desde el cono de la bocina hasta la membrana timpánica por lo que cualquier obstrucción del canal auditivo afecta los resultados de la prueba. Si se desea eliminar este factor, una alternativa a la conducción por aire es la conducción ósea donde los tonos son presentados mediante un transductor piezoeléctrico

que transmite el sonido a través de la estructura ósea del cráneo, de esta forma las ondas sonoras llegan a la cóclea sin ser afectadas por obstrucciones en el canal auditivo [1].

Cada técnica de estimulación tiene atributos que el especialista puede considerar ventajas o desventajas en función del tipo de prueba que desea conducir, en la tabla 1.2 se mencionan los atributos más relevantes de estas técnicas. En esta tabla la selectividad se refiere a la facilidad con la que el método permite estimular un solo oído sin provocar una respuesta en el oído contralateral. El control de intensidad se refiere a la facilidad con la que el método permite definir el nivel de presión sonora con la que es estimulado el oído. Por otra parte las siglas EMI se refieren al nivel de interferencia electromagnética (potencialmente nociva para la calidad del registro) que el método de estimulación genera. Finalmente el control de diafonía o crosstalk se refiere al control del nivel de interferencia que la estimulación de un oído causa sobre el oído contralateral.

Método/Parámetro	Selectividad	Control intensidad	EMI	Control diafonía
Audífonos de inserción	Sí	Alto	Baja	Medio
Audífonos supra aurales	Sí	Alto	Baja	Alto
Campo libre	No	Medio	Alta	Nulo
Conducción ósea	No	Alto	Baja	Alto

Tabla 1.2: Diferencias entre los medios de estimulación.

La audiometría comienza estimulando al paciente a una frecuencia e intensidad que se sospeche que puede percibir sin dificultad, una buena elección es 1000Hz @ 40dB_{HL} ya que debido a que es un componente crítico del habla la mayor parte de la población tiene buena percepción a esta frecuencia. Si el paciente no responde se incrementa la intensidad en 20dB_{HL} hasta que se obtenga una respuesta, una vez que el paciente reporta la percepción del tono se inicia la búsqueda del umbral.

Para identificar el umbral se sigue la regla empírica '10 abajo 5 arriba' que consiste en decrementar sucesivamente la intensidad en 10dB_{HL} y cuando el paciente no emita respuesta alguna, se incrementa la intensidad en 5dB_{HL}. El criterio clínico utilizado para determinar el umbral consiste en hallar la intensidad a la cual el paciente reporta percepción sonora el 50% de las veces que se presenta el tono de menor intensidad. Una

vez que se ha determinado el umbral a 1000Hz se realiza la prueba para las frecuencias superiores en orden creciente, posteriormente se repite la prueba a 1000Hz y se procede a probar las frecuencias inferiores en orden decreciente [1].

Los resultados de la audiometría se plasman en un documento gráfico conocido como audiograma en donde a través de las coordenadas de un plano cartesiano se indica el umbral auditivo en función de la frecuencia. El eje de las abscisas describe la frecuencia de estimulación en escala logarítmica y unidades de Hz mientras que el eje de las ordenadas describe la intensidad umbral en unidades dB_{HL} . En la figura 1.1 se muestra un ejemplo de audiograma para ambos oídos, en este ejemplo hipotético el paciente presenta audición normal en el oído izquierdo mientras que en el derecho presenta hipoacusia severa a altas frecuencias. En la figura se utiliza la notación dada por The American Speech-Language-Hearing Association (ASHA), donde los umbrales del oído derecho se representan mediante círculos y los del izquierdo mediante cruces [4].

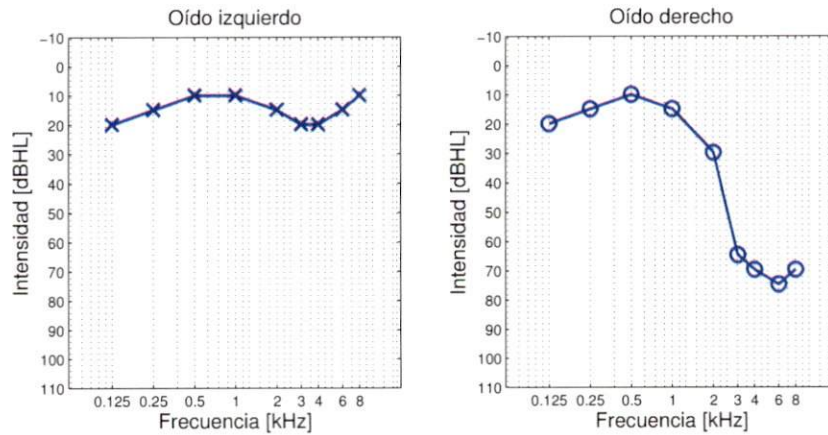


Figura 1.1: Ejemplo de audiograma de un sujeto con audición normal en el oído izquierdo (umbral auditivo por debajo de a 20dB_{HL}) e hipoacusia severa a alta frecuencia en el oído derecho (umbral auditivo por encima de 70dB_{HL}). En la figura se utiliza la notación establecida por ASHA [4]

El instrumento utilizado para realizar las pruebas audiométricas es conocido como **audiómetro** y consiste de manera general en un sintetizador de tonos sinusoidales puros modulados por alguna ventana envolvente (por ejemplo Hamming, Hanning, Blackman o trapezoidal), un atenuador que controla la intensidad de salida, un interruptor que

controla el envío de estímulos y un sistema de retroalimentación a través del cual el paciente notifica al especialista de la percepción de sensaciones sonoras. Dependiendo del fabricante los audiómetros pueden contar con sistemas de despliegue de cristal líquido, indicadores luminosos, perillas, diales y botones que controlan las funciones básicas del dispositivo, al mismo tiempo los audiómetros pueden contar con funciones adicionales como control de la historia clínica de los pacientes, impresión del audiograma, interfaz a computadoras personales o interfaz a sistemas de adquisición de potenciales evocados [1].

En la figura 1.2(a) se muestra una fotografía del audiómetro AC40 de Interacoustics S/A utilizado en el Laboratorio de Audiología de la Universidad Autónoma Metropolitana, por otro lado en la figura 1.2(b) se muestra una fotografía de audífonos supra aurales TDH-39P de Telephonics utilizados en este tipo de pruebas.



(a) Audiómetro clínico AC40 de Interacoustics A/S.



(b) Audífonos supra aurales TDH-39P de Telephonics.

Figura 1.2: Instrumentos utilizados en el Laboratorio de Audiología de la UAMI

1.2. Potenciales evocados

Los potenciales evocados (PE) son señales eléctricas generadas por el sistema nervioso central como respuesta a estímulos externos o como la manifestación de la realización de procesos cognitivos. Estas señales aparecen en el registro electroencefalográfico como perturbaciones no espontáneas que tienen lugar algún tiempo después de estimular alguna de las vías aferentes del Sistema Nervioso Central (SNC).

Los PE exhiben dos características distintivas que pueden reflejar el estado fisiopatológico de las estructuras neuronales que los generan (figura 1.3). La primera característica conocida como **latencia** está relacionada con la velocidad de conducción y respuesta de las estructuras involucradas, la latencia es medida como el intervalo de tiempo que existe entre la presentación del estímulo hasta la cresta de la manifestación de la respuesta en el registro electroencefalográfico. Por otra parte la característica de **amplitud** está relacionada con el nivel de actividad eléctrica que el estímulo genera sobre las estructuras neuronales objetivo, esta característica se mide como la diferencia del voltaje máximo y mínimo de la cresta de actividad. De forma general los potenciales evocados exhiben niveles de latencia en el orden de 10^{-3} s y niveles de amplitud en el orden de 10^{-6} V con niveles de relación señal a ruido inferiores a -20dB [5].

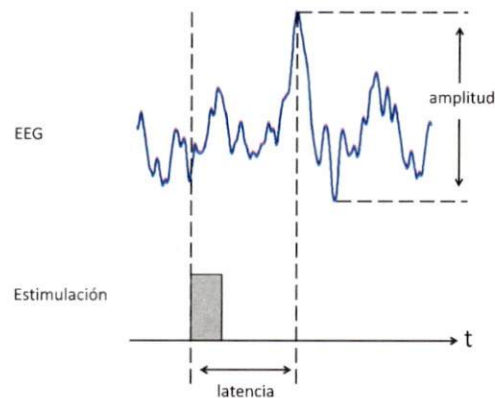


Figura 1.3: La amplitud de un potencial evocado está relacionada con el nivel de actividad eléctrica de las estructuras neuronales involucradas mientras que la latencia está relacionada con la velocidad de conducción de las mismas.

Los PE se clasifican en dos grandes grupos de acuerdo con el proceso neurológico que los genera, a saber **PE relacionados a señales** y **PE relacionados a eventos**. Los PE relacionados a señales son aquellos provocados por estímulos externos con características físicas determinadas como intensidad, frecuencia y duración, por otra parte los PE relacionados a eventos son aquellos originados por procesos corticales dependientes de situaciones específicas como atención y sorpresa. Dentro de los PE relacionados a señales existe una clasificación secundaria basada en la vía aferente que es objeto de estimulación, esta subclasificación contempla las vías visual, somatosensorial y auditiva [5]. El desarrollo de este trabajo se centra en los potenciales evocados auditivos, sin embargo se puede consultar [6] para obtener mayor información sobre otro tipo de respuestas evocadas.

1.2.1. Potenciales evocados auditivos

Los potenciales evocados auditivos son generados por una compleja red de tejidos y estructuras que en conjunto se conocen como **sistema nervioso auditivo central** (figura 1.4). La cadena de eventos electroquímicos que dan lugar a estos potenciales comienza en la cóclea donde las células ciliadas del órgano de Corti sufren despolarización debido a la estimulación mecánica inducida por las ondas sonoras que inciden sobre el oído, estos potenciales de acción viajan a través del octavo par craneal hasta el núcleo coclear en la médula. En este punto la vía auditiva sufre una decusación hacia el núcleo olivar superior y al lemnisco lateral a nivel del puente. Posteriormente los potenciales de acción viajan hacia el colículo inferior en el mesencéfalo y suben a la corteza auditiva primaria y a la corteza de asociación donde son procesados e interpretados como sensaciones sonoras [5].

Estas respuestas evocadas se obtienen al estimular el sistema auditivo mediante señales acústicas de corta duración con intensidad y contenido espectral dependientes del objetivo del estudio. La intensidad de estimulación suele encontrarse en el intervalo de -5 a 110 dB_{HL}, mientras que el contenido espectral puede contemplar bandas estrechas que estimulan regiones específicas de la cóclea o ruido coloreado que estimula la cóclea entera [5].

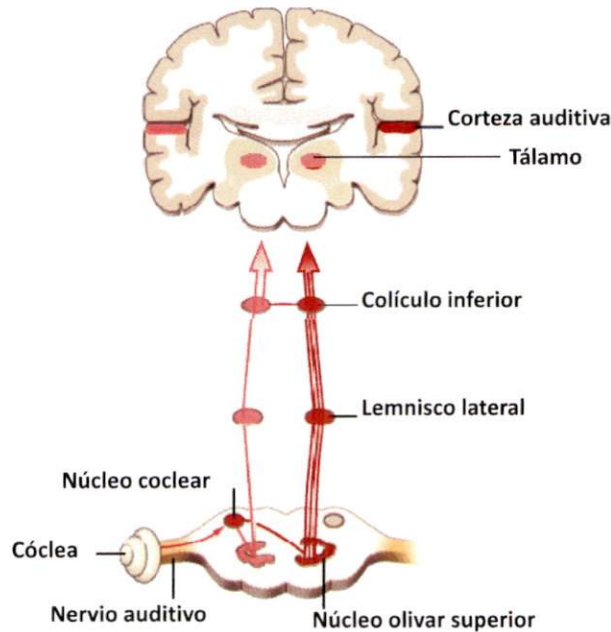


Figura 1.4: El sistema nervioso auditivo central está formado por la cóclea, el nervio auditivo, el núcleo coclear, el lemnisco lateral, el colículo inferior, el tálamo y la corteza auditiva primaria.

Dado que estas respuestas se obtienen a través del registro electroencefalográfico, los potenciales evocados auditivos se estudian no a través de la inspección de las señales que cada fibra nerviosa produce sino a través de la suma espacial y temporal de los potenciales de acción que el conjunto de fibras genera, particularmente estas respuestas se estudian mediante las derivaciones $A_1 - C_Z$ y $A_2 - C_Z$ con referencia a F_{PZ} del estándar de colocación de electrodos 10/20 [5].

Cuando los potenciales evocados son adquiridos a partir de la estimulación selectiva de un oído, los registros de cada derivación $A_1 - C_Z$ y $A_2 - C_Z$ suelen ser nombrados como ipsilateral o contralateral dependiendo del oído donde la estimulación haya sido presentada [1]. A manera de ejemplo, si se estimula el oído derecho y se registra el EEG del canal $A_2 - C_Z$, se dice que el registro es ipsilateral (del mismo lado del estímulo). En contraste, si se estimula el oído derecho y se registra el EEG del canal $A_1 - C_Z$ se dice

que el registro es contralateral (al lado opuesto del estímulo). En este trabajo se utiliza la siguiente nomenclatura para referirse a la relación entre la lateralidad de la estimulación y la derivación de registro de EEG:

Ipsilateral izquierdo registros que son tomados de la derivación $A_1 - C_Z$ cuando el estímulo se aplica sobre el oído izquierdo.

Ipsilateral derecho registros que son tomados de la derivación $A_2 - C_Z$ cuando el estímulo se aplica sobre el oído derecho.

Contralateral izquierdo registros que son tomados de la derivación $A_1 - C_Z$ cuando el estímulo se aplica sobre el oído derecho.

Contralateral derecho registros que son tomados de la derivación $A_2 - C_Z$ cuando el estímulo se aplica sobre el oído izquierdo.

En la figura 1.5 se muestra una idealización del trazo de un potencial evocado auditivo donde cada segmento del registro está relacionado con diferentes estructuras del sistema nervioso auditivo central y recibe un nombre con base en su latencia de aparición. El segmento entre 0 y 10ms recibe el nombre de potencial evocado auditivo de latencia corta, el segmento entre 10 y 50ms recibe el nombre de potencial evocado auditivo de latencia media y el segmento entre 50 y 200ms recibe el nombre de potencial evocado auditivo de latencia larga. Cada sección del potencial evocado auditivo tiene generadores neuronales específicos y la amplitud y latencia de cada sección es sensible a distintos parámetros de la estimulación.

Potencial evocado auditivo de latencia corta

La morfología del potencial evocado auditivo de latencia corta se compone de cinco ondas tradicionalmente indizadas I, II, III, IV y V cuya amplitud es inferior a $0.1\mu V$. Esta sección del potencial evocado auditivo proviene de la actividad eléctrica del octavo par craneal y de distintas estructuras del tallo cerebral.

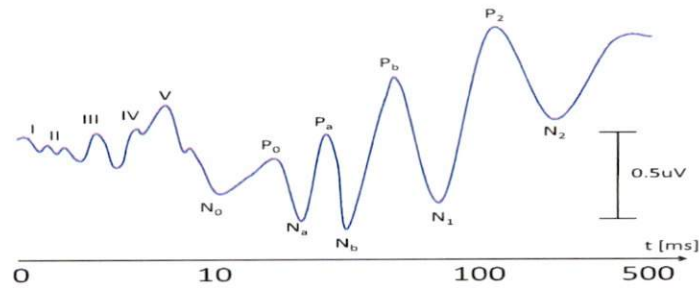


Figura 1.5: De forma ideal el trazo del potencial evocado auditivo completo exhibe distintos picos de actividad a distintas latencias relacionadas con la activación del octavo par craneal, el tallo cerebral y la corteza auditiva primaria [5].

Las ondas I y II provienen de las porciones distal y proximal del nervio auditivo, la onda III proviene del núcleo coclear, la onda IV proviene del núcleo olivar y la onda V proviene del lemnisco lateral [7]. Debido a que gran parte de este potencial tiene su origen en el tallo cerebral, es común que en la literatura se lo nombre como Potencial Evocado Auditivo de Tallo Cerebral (PEATC). En individuos sanos las características de amplitud y latencia de los PEATC son sensibles a la intensidad e insensibles al contenido espectral de los estímulos presentados. De forma general la amplitud varía en proporción directa a la intensidad mientras que la latencia lo hace en proporción inversa.

El estudio de los PEATC comenzó en la década de los setenta con los trabajos de Jewett, Romano y Williamson [5] y debido a que son fácilmente reproducibles bajo condiciones controladas estos potenciales ganaron popularidad rápidamente y su estudio ha permitido encontrar una amplia gama de aplicaciones clínicas entre las que destacan el diagnóstico diferencial de muerte cerebral, esclerosis, hemorragia pontina, lesiones parenquimales del tallo cerebral y valoración de la capacidad auditiva [8].

En términos de la valoración de la capacidad auditiva los PEATC resultan de gran utilidad debido a que sus características de amplitud y latencia son sensibles a alteraciones en las estructuras mencionadas previamente. De esta forma la presencia de alguna condición desmielinizante u obstrucción en la vía auditiva queda evidenciada por cambios de la latencia y/o en la amplitud de cada pico. La única limitante importante de esta respuesta

evocada es su insensibilidad al contenido espectral de los estímulos presentados. Esta respuesta permite identificar el umbral auditivo en términos de la intensidad pero no en términos de la frecuencia.

Potencial evocado auditivo de latencia media

El segundo segmento del potencial evocado auditivo corresponde a tres picos positivos y tres negativos identificados como P_0 , P_a , P_b y N_0 , N_a y N_b respectivamente que se generan en el intervalo de 10 a 75 ms después de la aparición del estímulo (figura 1.5) y que se conocen en conjunto como Potencial evocado auditivo de latencia media (PEALM).

El estudio de este potencial evocado comenzó en 1958 con los trabajos de Geisler, Frishkopf y Rosenblith cuando observaron la aparición de un pico positivo alrededor de 30ms cuya latencia variaba en función de la intensidad de estimulación. Tras esta observación se formuló la conjetura de que esta actividad reflejaba la activación de neuronas de la corteza primaria [5].

Después de su descubrimiento, el origen neurológico de este potencial evocado fue cuestionado debido a que se observó que en el mismo intervalo de latencia aparecían potenciales miogénicos que pusieron en entredicho la utilidad del PEALM como herramienta audiométrica. Aunado a esto, la morfología del potencial de latencia media es altamente sensible a la configuración de las bandas de paso de los filtros de acondicionamiento y la instrumentación existente impedía estandarizar los parámetros de adquisición entre laboratorios [5]. No fue sino hasta 1966 que Horwitz *et al.* demostraron el origen neurogénico de los PEALM al observar la persistencia de los picos característicos en sujetos normoyentes cuya actividad muscular había sido temporalmente bloqueada por medio de inhibidores de receptores de acetilcolina. Aunque este estudio demostró el origen neurogénico de estos potenciales hoy en día permanece abierto el debate sobre las estructuras específicas que dan pie a cada pico de actividad. El consenso actual establece que las estructuras involucradas son el tálamo, la corteza auditiva primaria y la corteza de asociación [7].

A diferencia del PEATC que es sensible únicamente a la intensidad, el PEALM es sensible a la intensidad y al contenido espectral de los estímulos presentados. En estas respuestas evocadas la amplitud varía en proporción directa con la intensidad y en proporción inversa con la frecuencia mientras que la latencia varía en proporción inversa con la intensidad y en proporción inversa con la frecuencia [5]. De esta forma el PEALM permite valorar condiciones de hipoacusia en regiones específicas del espectro audible permitiendo a su vez trazar un audiograma completo a partir de la observación de las crestas de esta respuesta evocada. [2].

Dentro de las crestas del PEALM se ha reportado que la cresta P_a cuya amplitud es inferior a $0.5\mu V$ es la más consistente en términos de su reproducibilidad y especificidad, de forma que esta respuesta evocada tiene amplio potencial en el campo clínico para ayudar a determinar el umbral auditivo a frecuencias específicas [2].

Debido a la sensibilidad espectral de los PEALM, el registro a frecuencias por encima de 3kHz requiere de mayor control del sujeto y de las condiciones de adquisición. Para obtener una respuesta distinguible es necesario que el sujeto esté en etapa de sueño profundo y el banco de adquisición tenga un estricto control de fuentes de interferencia eléctrica.

En la figura 1.6 se muestra la comparación del barrido en intensidad del PEALM obtenido de un sujeto normoyente y de un sujeto con hipoacusia severa a frecuencias de 500, 1000, 2000 y 3000Hz. Como puede observarse, el sujeto normoyente presenta picos P_a fácilmente distinguibles a intensidades desde $10dB_{HL}$ mientras que el sujeto con hipoacusia severa no presenta picos distinguibles a ninguna de las intensidades mostradas.

Potencial evocado auditivo de latencia larga

El potencial evocado auditivo de latencia larga está constituido por los picos P_b , P_2 , N_1 y N_2 que ocurren entre los 50 y 500ms posteriores a la estimulación. Este potencial se origina por procesos corticales y su uso clínico es restringido debido que presentan alta variabilidad por su correlación con la percepción consciente [9].

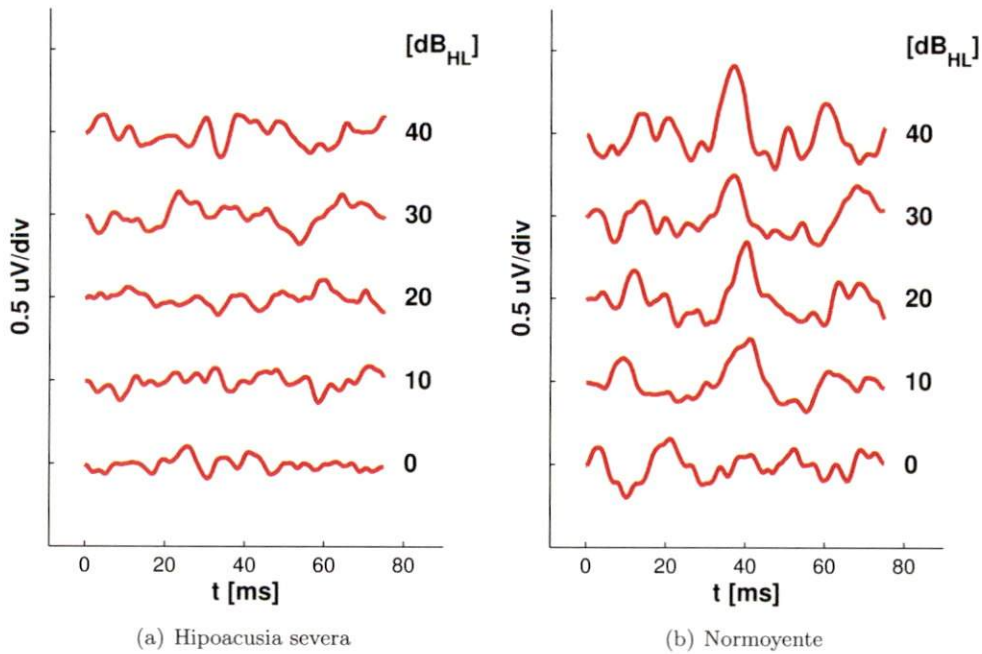


Figura 1.6: Respuestas evocadas de latencia media obtenidas en el Laboratorio de Audiología de la UAM-I al estimular con tonos sinusoidales puros de 500Hz el oído derecho de sujeto con hipoacusia severa (izquierda) y el oído derecho de un sujeto normoyente (derecha). En el sujeto normoyente es posible identificar el pico P_{α} cerca de los 35ms mientras que en sujeto con hipoacusia severa no se observa actividad alguna.

1.2.2. Adquisición y procesamiento de potenciales evocados

Promediación coherente

Si bien los potenciales evocados son señales eléctricas de morfología específica, no es posible identificar su presencia a simple vista debido a que de forma paralela a la respuesta evocada el sistema nervioso genera un enorme número de señales eléctricas cuya superposición espacial y temporal resulta en oscilaciones aleatorias que fácilmente ocultan la respuesta auditiva evocada.

De forma muy general se puede describir el comportamiento del electroencefalograma como una señal estocástica que obedece una distribución gaussiana de media cero y desviación estándar y ancho de banda dependientes del nivel de alerta en el que se

encuentre el sujeto bajo estudio. En la tabla 1.3 se mencionan las características de esta señal en función de distintos niveles de alerta [10] [11] y como puede observarse la amplitud del EEG aún en etapas de sueño profundo es notablemente mayor que la amplitud de los potenciales evocados descritos en la sección 1.2.1.

Estado	Ritmo	Frecuencia [Hz]	Amplitud [μV]
Actividad mental intensa	Beta	14 - 22	2 - 20
Relajación	Alfa	8 - 13	20 - 60
Somnolencia	Teta	4 - 7.5	20 - 100
Sueño profundo	Delta	≤ 3.5	20 - 200

Tabla 1.3: Características del electroencefalograma bajo distintos niveles de alerta [10] [11].

La pobre relación señal a ruido que presentan los potenciales evocados hace indispensable la aplicación de técnicas de procesamiento de señales que permitan disminuir la interferencia provocada por la actividad basal del sistema nervioso y que al mismo tiempo permitan resaltar aquellos componentes que corresponden a los potenciales evocados. El paradigma de adquisición más común consiste en asumir que el potencial evocado es una señal no correlacionada con el proceso estocástico que constituye la actividad basal del sistema nervioso, de esta forma la promediación de una colección de N registros obtenidos al aplicar N estimulaciones permite disminuir el ruido en el registro.

En términos formales considérese que cada segmento de EEG obtenido en cada época es un vector M – dimensional \mathbf{z} constituido por la suma de un vector determinista \mathbf{s} dado por el potencial evocado y un vector aleatorio η de varianza constante σ^2 dado por la actividad basal del SNC (ecuación 1.1). Dadas estas consideraciones la estimación del potencial evocado se obtiene mediante el promedio de ensamble de los N ensayos (ecuación 1.2), al hacer esto la varianza del ruido se ve modificada por un factor $\frac{1}{N}$ y la relación señal a ruido se ve modificada por un factor \sqrt{N} . En el límite $N \rightarrow \infty$ la media del vector η tiende a cero y la estimación $\hat{\mathbf{s}}$ tiende al potencial evocado sin ruido (ecuación 1.3) [9].

$$\mathbf{z} = \mathbf{s} + \eta \quad (1.1)$$

$$\hat{\mathbf{s}} = \frac{1}{N} \sum_{i=0}^{N-1} \mathbf{z}_i = \frac{1}{N} \sum_{i=0}^{N-1} \mathbf{s}_i + \frac{1}{N} \sum_{i=0}^{N-1} \eta_i \quad (1.2)$$

$$\hat{\mathbf{s}} \approx \mathbf{s} \quad (1.3)$$

En aplicaciones reales la suposición de homocedasticidad del ruido basal no es válida debido a que el electroencefalograma presenta espigas originadas por fluctuaciones en el nivel de conciencia, por la actividad de los músculos de cabeza y cuello e incluso por la actividad eléctrica del corazón. Por otra parte cambios en la impedancia de la interfaz electrodo - piel y el desplazamiento de los electrodos durante la prueba inducen artefactos indeseables en el registro. Por esta razón la aplicación indiscriminada del modelo de promediación coherente puede llevar a la obtención de resultados poco satisfactorios en términos de la calidad de la señal resultante. Para mitigar el riesgo de obtener potenciales evocados distorsionados en la práctica clínica suele implementarse un criterio de inclusión basado en la observación de la máxima amplitud de cada época. Bajo este criterio se evalúan las M épocas adquiridas y se descartan aquellas cuya amplitud pico excede un umbral determinado (generalmente $15 \mu\text{V}$), de esta forma se obtiene un subconjunto M_s sobre el cual se aplica la promediación coherente [9].

Si bien el rechazo por umbral ayuda a evitar promediar épocas contaminadas por artefactos, es común que la interferencia se limite a deteriorar el registro sin que esto implique que la amplitud de la señal exceda el umbral establecido. Esta situación ha motivado a desarrollar estrategias que van desde el análisis visual de cada época en donde un especialista revisa las características de los ritmos presentes en el electroencefalograma y a partir de su criterio clínico acepta o rechaza la promediación de la época en cuestión, hasta el diseño de filtros adaptativos y aplicación de análisis de componentes independientes y análisis de componentes principales [12], [13].

Promedio de subconjunto óptimo

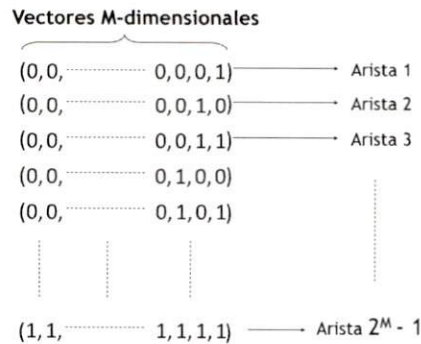
Desde el punto de vista de ingeniería es claro que las técnicas de procesamiento de señales permiten extraer información relevante sobre las respuestas evocadas, sin embargo el entendimiento de estas técnicas y la interpretación de las señales resultantes requiere de conocimientos en matemáticas que generalmente no son del dominio del personal de atención a la salud y es por esta razón que los audiólogos y los neurofisiólogos pueden mostrarse renuentes a aceptar el uso de estas técnicas.

Dado lo anterior, el enfoque abordado en esta tesis se centra en la identificación de las épocas de EEG que poseen información relevante para la obtención del potencial evocado por promediación coherente sin que esto implique procesar (alterar) la información cruda. En otras palabras, en esta tesis se aplican técnicas de procesamiento únicamente para identificar las épocas a promediar para la obtención del PEALM.

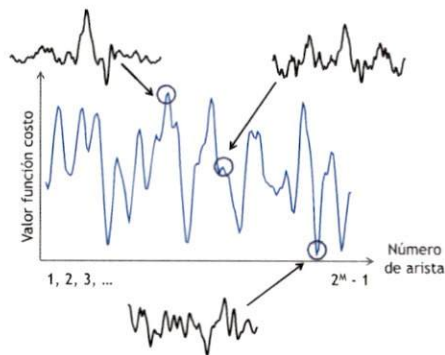
En este sentido, dado el conjunto original de M épocas surge la pregunta de cuál subconjunto de M_s épocas contiene la mayor cantidad de información sobre el potencial evocado de forma que al calcular la promediación coherente de dicho subconjunto el potencial evocado se exprese con calidad máxima dada alguna función de calidad evaluada sobre las características de la señal resultante.

La función de calidad puede ser modelada como una función $f : R^M \rightarrow R$ definida sobre las aristas de un hipercubo M -dimensional donde cada arista define una combinación de épocas. Este concepto se ilustra en la figura 1.7(a) donde el i -ésimo componente de cada vector representa la inclusión o exclusión de la i -ésima época en el promedio total. En otras palabras la primer arista contempla la inclusión de únicamente la primera época, la segunda arista contempla la inclusión de únicamente la segunda época, la tercer arista contempla la inclusión de la primera y segunda época y así sucesivamente. El contradominio de la función debe definirse de forma que su magnitud sea directamente proporcional a la calidad del potencial evocado obtenido a partir del subconjunto de M_s épocas representado por cada arista.

Si se enumeran secuencialmente las aristas del hipercubo y se grafica la correspondiente magnitud de la función de calidad se podría obtener una gráfica como la que se muestra en la figura 1.7(b) en donde el punto máximo representa el potencial evocado de mayor calidad mientras que el punto mínimo representa el potencial evocado de menor calidad.



(a) Aristas del hipercubo que define la función de calidad.



(b) Rango de la función de calidad para cada arista.

Figura 1.7: El dominio de la función de calidad puede concebirse como las aristas de un hipercubo descritas mediante vectores binarios. Por otra parte el rango de la función puede graficarse en función del índice de cada arista.

Ante este planteamiento la estrategia más intuitiva (por no decir ingenua) de determinar la combinación de épocas cuyo promedio exprese el potencial evocado de la mejor forma, es evaluar la función de calidad sobre cada una de las posibles combinaciones y seleccionar aquella que maximice la función de calidad. El problema del enfoque de evaluación exhaustiva es la demanda computacional que la enorme cantidad de posibles

combinaciones supone ya que dadas M épocas el total de combinaciones está definido por la ecuación 1.4 donde al suponer $M = 500$ el total de combinaciones a evaluar es de $\mathcal{E} = 3,2734x10^{150}$.

Independientemente de cómo se defina la función de calidad resulta indispensable idear alguna forma de identificar el máximo sin que esto implique efectuar la evaluación exhaustiva de las aristas del hipercubo. En este trabajo se describe un método basado en la evaluación de combinaciones iterativas de conjuntos de épocas que permite maximizar la función de calidad definida sobre el hipercubo M -dimensional al menos de forma local.

$$\mathcal{E} = 2^M - 1 \tag{1.4}$$

Objetivos

Objetivo general

- Diseñar e implementar una estrategia de procesamiento digital de señales que permita identificar en forma automática un subconjunto de épocas cuya promediación coherente resulte en un potencial evocado auditivo de latencia media reconocible por un especialista en audiolología.

Objetivos particulares

- Establecer una métrica que permita evaluar la calidad de la contribución de subconjuntos de épocas en la obtención de potenciales evocados auditivos de latencia media.
- Diseñar e implementar una estrategia de selección automática de subconjuntos de épocas que maximicen la métrica de calidad.
- Evaluar la eficacia de la estrategia de procesamiento digital de señales a través de la comparación de los potenciales evocados obtenidos a través de la selección automática de épocas contra aquellos obtenidos a través de la selección empírica de épocas realizada por un especialista en audiolología.

Es importante mencionar que el presente trabajo se realiza en el marco de la línea de investigación del Laboratorio de Audiología de la UAMI sobre la estimación objetiva de la capacidad auditiva mediante técnicas de electrofisiología. Debido a esto, se hace uso del banco de potenciales evocados auditivos de latencia media adquiridos previamente por el laboratorio, razón por la cual la definición de tamaño de muestra, el establecimiento de criterios de inclusión de voluntarios y la ejecución del protocolo de adquisición quedan fuera del alcance de los objetivos de la tesis.

Capítulo 2

Metodología

2.1. Resumen

Para diseñar e implementar una estrategia de procesamiento digital de señales que permita identificar en forma automática un subconjunto de épocas cuya promediación coherente resulte en un potencial evocado auditivo de latencia media reconocible por un especialista en audiología se llevaron a cabo las siguientes actividades:

1. Definición de funciones de calidad

Se ha mencionado que los especialistas en audiología pueden seleccionar visualmente épocas de EEG a partir de la observación de la amplitud y de los ritmos presentes en la señal, de esta forma los especialistas definen un subconjunto de épocas de alta calidad que al promediarse revelan la morfología del potencial evocado subyacente.

Para automatizar el proceso de selección es necesario generar una función que permita cuantificar la calidad de los subconjuntos de épocas de forma que sus extremos revelen aquellos subconjuntos útiles para el trazo de la audiometría. En este sentido se presentan

dos tipos de funciones de calidad, a saber, el Índice FSP y las Funciones de Ordenamiento Espectral.

El Índice FSP (sección 2.2.1) es un indicador diseñado para identificar la presencia de potenciales de tallo cerebral en un registro y se basa en el análisis del comportamiento estadístico de algunas muestras de la señal de EEG [14]. Si bien este índice no fue ideado para los potenciales de latencia media, durante la realización de este trabajo se observó que exhibe una relación directa con la calidad empírica de la señal promediada. La función de calidad basada en este índice depende de tres parámetros cuya modificación puede afectar el resultado del proceso de maximización por lo que en la sección 2.4.4 se describe la optimización de dichos parámetros.

Por otra parte, las Funciones de Ordenamiento Espectral (sección 2.2.2) se basan en el análisis de componentes principales de los subconjuntos de épocas. En este caso se observa la relación entre el contenido espectral de los componentes principales de la señal y su correspondiente eigenvalor, de forma que la calidad de la señal se mide como la proporción que guardan los eigenvalores asociados a eigenvectores con contenido espectral consistente e inconsistente con el PEALM. Estas funciones dependen de dos parámetros que al igual que en el caso del Índice FSP pueden afectar el resultado del proceso de maximización por lo que en la sección 2.4.4 se realiza la optimización de dichos parámetros.

2. Maximización de las funciones de calidad mediante el uso de algoritmos genéticos

Para llevar a cabo la maximización de las funciones de calidad se hizo una implementación del algoritmo genético simple que genera subconjuntos aleatorios de épocas y combina iterativamente aquellos que exhiben la mayor calidad de acuerdo con el Índice FSP y las Funciones de Ordenamiento Espectral (sección 2.3). Los cromosomas de los individuos se definen como vectores binarios que indican la presencia o ausencia de épocas y las operaciones de cruce y mutación se implementan como el intercambio y la negación de grupos de épocas respectivamente.

3. Planteamiento de métricas de valoración de semejanza

Con la finalidad de comparar en forma cuantitativa la semejanza entre las señales obtenidas al promediar las épocas identificadas por un especialista y las señales obtenidas al promediar las épocas identificadas por el algoritmo genético, se desarrollaron dos indicadores basados por una parte en la distancia de Mahalanobis y por otra parte en la suma cuadrática de residuos entre ambas señales. Al mismo tiempo se evaluó la consistencia de selección de épocas entre el especialista y el algoritmo mediante el uso de una matriz de confusión y la certeza de clasificación (sección 2.4).

4. Selección de parámetros óptimos para las funciones de calidad

Con la finalidad de identificar la combinación de parámetros de cada función de calidad que permitan obtener señales que exhiban máxima semejanza con las señales obtenidas por el especialista, se generaron las superficies de las métricas de semejanza en función de los parámetros de cada función de calidad de forma que el punto mínimo de dichas superficies permiten estimar la combinación de parámetros óptima para cada función de calidad (sección 2.4.4).

5. Procesamiento de registros

Una vez que se identificaron los parámetros óptimos para cada función de calidad se ejecutó el algoritmo sobre un banco de registros de PEALM obtenidos de un sujeto normoyente estimulado a intensidades de 0 a 40 dB_{HL} a frecuencias de 500, 1000, 2000 y 3000Hz (sección 3.2). Por otra parte con la finalidad de verificar que la aplicación del algoritmo genético no genera picos de actividad en registros donde la respuesta evocada está ausente, se procesaron los registros de un sujeto con hipoacusia severa estimulado a intensidades de 0 a 40 dB_{HL} a frecuencias de 500, 1000 y 2000Hz (sección 3.2.5).

2.2. Función de calidad

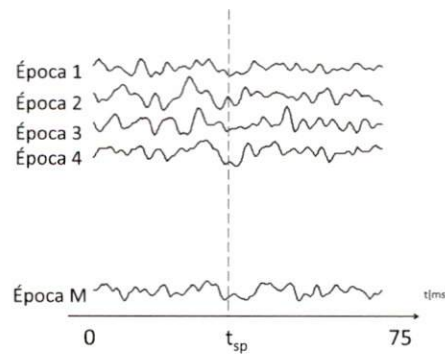
2.2.1. Índice FSP

La primera función de calidad que se plantea para valorar y maximizar la calidad de los PEALM está basada en la propuesta de Elberling y Don de detectar la presencia de potenciales evocados auditivos de tallo cerebral a partir de un índice de relación señal a ruido denominado Fisher Single Point (FSP). En términos generales el índice FSP se define por la ecuación 2.1 como el cociente de las varianzas de la respuesta evocada y el ruido basal del electroencefalograma ponderado por el total de épocas utilizado en la promediación [14].

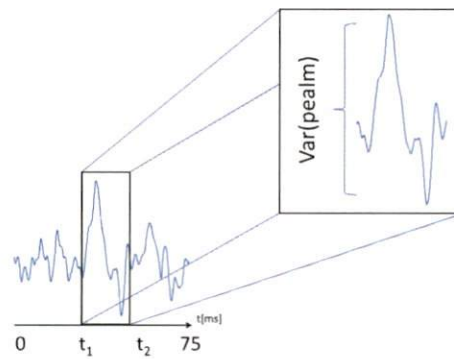
$$FSP = M \frac{var(pealm)}{var(t_{sp})} \quad (2.1)$$

La estimación de la varianza del ruido de fondo se realiza a partir del comportamiento del electroencefalograma en un tiempo o punto fijo dentro de las épocas denominado *tiempo SP* (t_{sp} en figura 2.1(a)). La magnitud $var(t_{sp})$ se define como la varianza del valor del electroencefalograma en dicho tiempo dentro de la colección de M épocas. Por otra parte la varianza de la respuesta evocada se calcula a partir del promedio del ensamble de épocas de una ventana de tiempo $[t_1, t_2]$ (figura 2.1(b)).

La utilidad de este índice en la valoración de la capacidad auditiva fue validada en un estudio donde se determinó que para el caso de los potenciales evocados auditivos de tallo cerebral el índice FSP tiene una magnitud mayor a 3.1 cuando el sujeto de estudio posee una capacidad auditiva considerada normal mientras que para índices de menor magnitud se considera que el sujeto de estudio debe ser referido a otro tipo de protocolos de valoración [14]. Vale la pena hacer hincapié en que durante la elaboración de este trabajo el punto de corte del índice FSP para potenciales evocados auditivos de latencia media no ha sido documentado en la misma medida que para el caso de los potenciales de tallo cerebral, sin embargo se asume que el modelo de relación señal a ruido se mantiene inalterado por el tipo de potencial bajo estudio.



(a) Selección del punto SP



(b) Ventana de tiempo de análisis del PEALM

Figura 2.1: La varianza del punto t_{SP} se calcula a partir de los niveles de voltaje de las épocas en el tiempo t_{SP} , mientras que la varianza del PEALM se calcula a partir de la señal promediada dentro de la ventana de tiempo definida por el intervalo (t_1, t_2) .

Desde su planteamiento en 1985 el índice FSP ha sido utilizado en los campos clínicos y de investigación y no ha estado exento de críticas y cuestionamientos respecto a la validez de las suposiciones que hace sobre el comportamiento estadístico de la señal electroencefalográfica y del potencial evocado como tal. Debido a lo anterior autores como [15] han propuesto correcciones y han planteado los índices que se conocen como FMP y SCOR como alternativas al índice FSP. No obstante las correcciones planteadas en [15], un estudio piloto ejecutado sobre doce adultos jóvenes que a través de curvas ROC contrasta la sensibilidad y especificidad de los índices FSP, FMP y SCOR contra la

valoración clínica, sugiere que en términos del área ROC el índice FSP tiene un desempeño superior al de las otras dos alternativas [16]. Por esta razón el índice FSP es utilizado en este trabajo como métrica de calidad para los PEALM.

De forma adicional la pertinencia de utilizar el índice FSP para la valoración de la calidad de los PEALM se ilustra en la figura 2.2 en donde se muestra la gráfica de caja para el valor del índice en 144 registros de PEALM al seleccionar 300 épocas de 500 disponibles de forma aleatoria y a través de la opinión de un especialista clínico. Como puede observarse, los histogramas del valor del índice en cada caso sólo se traslapan de manera importante en aproximadamente un cuartil de la distribución por lo que puede esperarse que al utilizar el índice como función de costo y maximizarlo a través de algoritmos genéticos se facilitará la interpretación clínica del potencial evocado resultante.

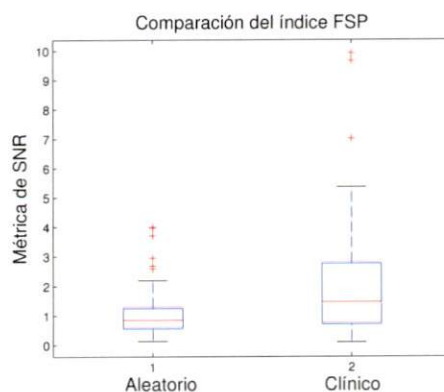


Figura 2.2: Los potenciales evocados obtenidos mediante la promediación aleatoria de épocas exhiben magnitudes del índice FSP menores a las de los potenciales evocados obtenidos mediante la selección de épocas por parte de un especialista clínico. El índice FSP fue calculado en la ventana $t_1 = 26\text{ms}$, $t_{sp} = 27\text{ms}$, $t_2 = 39\text{ms}$

En la ecuación 2.1 y en la figura 2.2 puede observarse que la magnitud del índice depende de la elección del tiempo t_{sp} así como de la ventana de tiempo $[t_1, t_2]$. Estos parámetros pueden ser determinados tomando en cuenta que el pico máximo de los PEALM se encuentra en una ventana de entre 25 y 35ms y su latencia varía en función de la intensidad y la frecuencia. Tomando en cuenta lo anterior una posible elección es $t_{sp} = 30$, $t_1 = 25$, $t_2 = 35\text{ms}$, sin embargo como se comprueba en la sección de resultados

la variación de estos parámetros impacta en el resultado de la ejecución del algoritmo genético por lo que resulta indispensable diseñar una función de calidad que en el mejor de los casos sea no paramétrica o que al menos los resultados sean poco sensibles a la variación de sus parámetros.

2.2.2. Separación de subespacios

Planteamiento del modelo

El modelo matemático de separación de subespacios permite concebir al potencial evocado de interés como un objeto que reside en el (hiper) espacio y que al igual que un objeto cotidiano expuesto a la luz, proyecta una sombra sobre porciones determinadas del espacio en el que reside (por ejemplo sobre el piso y las paredes que lo rodean), de esta forma la proyección generada al iluminar el objeto desde uno u otro flanco ofrece información sobre su forma en cada dirección. En el ejemplo de la figura 2.3 el objeto se representa mediante un toroide rotado 30° alrededor del eje Y cuya sombra proyectada sobre el plano YZ corresponde a un anillo mientras que en los planos XY y XZ la proyección corresponde a figuras difíciles de reconocer. Al observar la figura resulta evidente que la primera proyección ofrece mayor información sobre la forma *real* del objeto que las otras dos.

En el modelo matemático que se propone, la observación *directa* del potencial evocado no ofrece información relevante sobre su morfología, amplitud o latencia. Sin embargo la proyección de esta señal sobre distintas regiones del espacio donde reside permite identificar y separar los componentes de actividad eléctrica correspondientes al sistema auditivo (en el ejemplo estos componentes corresponden al anillo) de aquellos generados por actividad basal del SNC (en el ejemplo estos componentes corresponden a las regiones difíciles de reconocer). En la implementación del modelo el reto consiste en determinar y resaltar las proyecciones que ofrecen la mayor cantidad de información sobre el potencial evocado y minimizar la observación de aquellas que correspondan a la actividad basal del SNC.

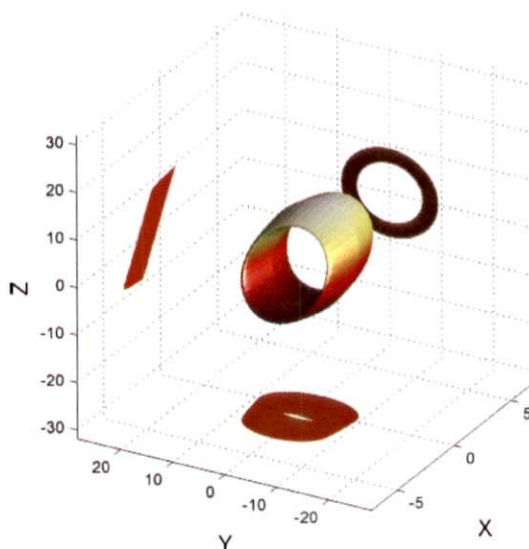


Figura 2.3: Las proyecciones de un cuerpo en R^3 sobre cada plano del espacio pueden describir en menor o mayor medida la morfología del cuerpo en cuestión. En este ejemplo el plano YZ describe de mejor manera la morfología circular del toroide en comparación con otros planos. De forma similar los distintos componentes ortogonales de los potenciales evocados ofrecen distinta calidad de información sobre su morfología.

Antes de iniciar con el desarrollo del modelo, es conveniente mencionar las características estadísticas que se asumen como ciertas para las señales de interés. Aunque se sabe que de forma estricta estas suposiciones no son correctas, en lo general sirven como base para construir modelos de análisis a los que posteriormente se aplican correcciones para que tengan un mayor apego a la realidad [12], [13]. Para el desarrollo del modelo se asume que:

- La actividad basal del sistema nervioso central es un proceso estocástico no correlacionado e idénticamente distribuido que obedece una distribución normal.
- La actividad basal del sistema nervioso central es un proceso estocástico estacionario en el sentido amplio (i.e. su media es constante y su correlación depende del retardo).
- El potencial evocado es una señal determinista no correlacionada con la actividad basal del sistema nervioso central.

Para modelar el potencial evocado como un objeto en el hiperespacio, se plantea que esta señal es un vector $\mathbf{z} \in R^N$ formado por la suma de un vector \mathbf{s} que representa el potencial evocado de interés y un vector η que representa la actividad cerebral de fondo:

$$\mathbf{z} = \mathbf{s} + \eta \quad (2.2)$$

Dada su naturaleza vectorial, \mathbf{z} puede ser expresado como una combinación lineal de los vectores ortonormales que conforman la base del espacio en el que reside, para tal efecto se considera que la base está definida por un conjunto de N vectores $\phi_i \in R^N, i = 0 \dots N - 1$ contenidos en las columnas de una matriz Φ y la magnitud del producto escalar (proyección) entre \mathbf{z} y cada base ϕ_i está contenida en el vector $\mathbf{k} \in R^N$.

$$\Phi = \begin{bmatrix} | & | & & | \\ \phi_0 & \phi_1 & \dots & \phi_{N-1} \\ | & | & & | \end{bmatrix} \quad (2.3)$$

$$\mathbf{k} = \begin{bmatrix} k_0 \\ \vdots \\ k_{N-1} \end{bmatrix} \quad (2.4)$$

Esta notación permite escribir el vector \mathbf{z} en términos de una operación matricial donde si los vectores de Φ son elegidos adecuadamente, la operación corresponde a la transformada inversa de Karhunen - Loève (en adelante iDKLT) del vector \mathbf{k} .

$$\mathbf{z} = \Phi \mathbf{k} \quad (2.5)$$

Nótese que el vector \mathbf{z} reside en el espacio formado al sumar los vectores \mathbf{s} y η , pero de forma particular estos vectores pueden residir en subespacios ortogonales entre sí. En otras palabras, el vector \mathbf{z} puede proyectarse sobre el subespacio donde radica el PEALM y sobre el subespacio donde radica el ruido, pero el PEALM y el ruido tienen una proyección nula

sobre el subespacio del otro. Si se asume que esta hipótesis es cierta, es posible reescribir la ecuación 2.5 de la siguiente forma:

$$\mathbf{z} = \mathbf{E}_s\theta + \mathbf{E}_\eta\psi \quad (2.6)$$

$$\mathbf{E}_s\theta = \begin{bmatrix} | & & | & | & | \\ \phi_0 & \dots & \phi_{P-1} & \mathbf{0} & \dots & \mathbf{0} \\ | & & | & | & | \end{bmatrix} \begin{bmatrix} k_0 \\ \vdots \\ k_{P-1} \\ 0 \\ \vdots \\ 0 \end{bmatrix} \quad (2.7)$$

$$\mathbf{E}_\eta\psi = \begin{bmatrix} | & & | & | & | \\ \mathbf{0} & \dots & \mathbf{0} & \phi_{N-Q} & \dots & \phi_{N-1} \\ | & & | & | & | \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 0 \\ \vdots \\ 0 \\ k_{N-Q} \\ \vdots \\ k_{N-1} \end{bmatrix} \quad (2.8)$$

Donde:

\mathbf{E}_s es una matriz $N \times N$ que en sus P primeras columnas contiene los P vectores base del subespacio de señal y en las $Q = N - P$ columnas restantes contiene el vector cero.

\mathbf{E}_η es una matriz $N \times N$ que en sus primeras P columnas contiene P el vector cero y en las Q columnas restantes contiene los vectores base del subespacio de ruido.

$\theta \in R^N$ es un vector que en las primeras P entradas contiene la magnitud del producto escalar entre \mathbf{z} y cada base del subespacio de señal y en las Q entradas restantes contiene la magnitud cero.

$\psi \in R^N$ es un vector que en las primeras P entradas contiene la magnitud cero y en las Q entradas restantes contiene la magnitud del producto escalar entre \mathbf{z} y cada base del subespacio de ruido.

Los argumentos anteriores indican que si se calculan los vectores base del espacio en el que la señal \mathbf{z} reside y si al mismo tiempo existe alguna forma de determinar los subconjuntos que describen la base de los subespacios de señal y ruido, sería posible separar el potencial evocado \mathbf{s} de la señal basal η . La respuesta a esta cuestión puede deducirse a partir de la identificación de las direcciones del espacio en las que el vector \mathbf{z} presenta máxima varianza, en términos formales la identificación del i - *ésimo* vector base consiste en resolver el problema de multiplicadores de Lagrange dado por la ecuación 2.9 [17].

$$\text{var}[\phi'_i \mathbf{z}] = \phi'_i \mathbf{Rz} \phi_i - \xi(\phi'_i \phi_i - 1) \quad (2.9)$$

Donde:

\mathbf{Rz} es la matriz de correlación del vector \mathbf{z}

ξ es el multiplicador de Lagrange

La solución de este problema consiste en que el i - *ésimo* vector base del espacio donde reside la señal electroencefalográfica está dado por el i - *ésimo* eigenvector de la matriz de correlación del vector \mathbf{z} , de esta forma la base del espacio puede determinarse aplicando el teorema de eigendescomposición de matrices (ecuación 2.10) sobre la estimación de la matriz \mathbf{Rz} (ecuación 2.11).

$$\mathbf{Rz} = \Phi \Lambda \Phi^{-1} \quad (2.10)$$

$$\mathbf{Rz} \approx \frac{1}{M} \mathbf{X}^T \mathbf{X} \quad (2.11)$$

Donde:

M es el número de épocas registradas durante el estudio de potenciales evocados

\mathbf{X} es una matriz $M \times N$ con M épocas de N muestras

Φ es una matriz $N \times N$ cuya i - *ésima* columna contiene el i - *ésimo* eigenvector de \mathbf{Rz}

Λ es una matriz diagonal $N \times N$ cuya i - *ésima* entrada contiene el i - *ésimo* eigenvalor de

\mathbf{Rz}

Hasta este punto se ha mencionado que la base del espacio vectorial donde \mathbf{z} reside coincide con los eigenvectores de la matriz de correlación \mathbf{Rz} , por lo que su cálculo requiere en primer lugar realizar la estimación $\mathbf{Rz} \approx \frac{1}{M}\mathbf{X}^T\mathbf{X}$ y posteriormente ejecutar la eigendescomposición $\mathbf{Rz} = \Phi\Lambda\Phi^{-T}$. Una alternativa a este proceso consiste en determinar los eigenvectores de \mathbf{Rz} directamente de la matriz de datos \mathbf{X} aplicando una operación de factorización conocida como **descomposición en valores singulares** cuya relación con Φ se demuestra a continuación.

Descomposición en valores singulares

El teorema de la descomposición en valores singulares (de aquí en adelante SVD) establece que cualquier matriz $M \times N$ puede ser descompuesta y expresada como el producto de tres matrices [18]:

$$\mathbf{X} = \mathbf{U}\Sigma\mathbf{V}^T \quad (2.12)$$

Donde \mathbf{U} es una matriz $M \times M$ cuyas columnas contienen los llamados vectores singulares izquierdos,

$$\mathbf{U} = \begin{bmatrix} | & | & & | \\ \mathbf{u}_0 & \mathbf{u}_1 & \dots & \mathbf{u}_{M-1} \\ | & | & & | \end{bmatrix} \quad (2.13)$$

\mathbf{V} es una matriz $N \times N$ cuyas columnas contienen los llamados vectores singulares derechos,

$$\mathbf{V} = \begin{bmatrix} | & | & & | \\ \mathbf{v}_0 & \mathbf{v}_1 & \dots & \mathbf{v}_{N-1} \\ | & | & & | \end{bmatrix} \quad (2.14)$$

y Σ es una matriz $M \times N$ cuya diagonal principal contiene los llamados valores singulares.

$$\Sigma = \begin{bmatrix} \sigma_1 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & \sigma_2 & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \dots & \sigma_{N-1} \\ 0 & 0 & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \dots & 0 \end{bmatrix}; \sigma_i \in R \quad (2.15)$$

Dada la ecuación (2.12), no es difícil demostrar que los eigenvectores de \mathbf{Rz} coinciden con los vectores singulares derechos de \mathbf{X} y que sus eigenvalores coinciden con el cuadrado de los valores singulares de \mathbf{X} . Para demostrar esto se sustituye la SVD de \mathbf{X} en la definición de \mathbf{Rz} , y considerando la naturaleza unitaria de \mathbf{U} se deduce fácilmente que:

$$\mathbf{Rz} \approx \frac{1}{M} \mathbf{X}^T \mathbf{X} = \frac{1}{M} \mathbf{V} \Sigma^T \mathbf{U}^T \mathbf{U} \Sigma \mathbf{V}^T = \frac{1}{M} \mathbf{V} (\Sigma^T \Sigma) \mathbf{V}^T \quad (2.16)$$

$$\mathbf{Rz} \approx \frac{1}{M} \mathbf{V} \begin{bmatrix} \sigma_1^2 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & \sigma_2^2 & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \dots & \sigma_{N-1}^2 \end{bmatrix} \mathbf{V}^T \quad (2.17)$$

En este punto puede verse que salvo por el factor $\frac{1}{M}$, la ecuación (2.16) tiene la misma forma que la eigendescomposición $\mathbf{Rz} = \Phi \Lambda \Phi^{-T}$ y dado que el teorema de eigendescomposición establece que esta factorización es única, es posible asegurar que \mathbf{V} corresponde a los eigenvectores de \mathbf{Rz} mientras que $\Sigma^T \Sigma$ está relacionada con sus eigenvalores de la siguiente forma:

$$\lambda_i = \frac{1}{M} \sigma_i^2; i = 0 \dots N - 1 \quad (2.18)$$

Antes de continuar con el desarrollo del modelo conviene ilustrar el significado práctico que las ecuaciones planteadas hasta el momento tienen bajo el contexto del registro de potenciales evocados. Para el ejemplo se tomará como base el registro CR_40.500.D.eeg¹ cuyas condiciones de adquisición se enlistan a continuación:

- Intensidad de estimulación 40dB_{HL}
- Frecuencia de estimulación 500Hz
- Adquisición de 559 épocas del canal ipsilateral derecho
- Ventana de adquisición 75ms
- Frecuencia de remuestreo 1069 Hz ²

En la figura 2.4(a) se muestra el resultado de aplicar promediación coherente a las 559 épocas que conforman el registro, nótese que dadas las condiciones de adquisición la presencia del pico Pa cerca de 30ms resulta fácilmente identificable. Por otra parte en las figuras 2.4(b), 2.4(c) y 2.4(d) se ilustra la matriz **Rz** del registro, sus eigenvectores y sus eigenvalores graficados en orden decreciente (los eigenvectores han sido acomodados en el mismo orden que su eigenvalor asociado). Al inspeccionar la figura 2.4(c) puede observarse que los eigenvectores que conforman la base del espacio donde residen tanto el potencial evocado como el ruido de fondo generado por la actividad basal del SNC presentan oscilaciones que se vuelven más rápidas a medida que se incrementa el índice asignado a partir de la magnitud relativa de su eigenvalor asociado. Aunque aún no se ha planteado ningún criterio para determinar a qué subespacio corresponde cada eigenvector, en este punto resulta intuitivo que los eigenvectores que presentan oscilaciones de baja frecuencia corresponden al subespacio donde reside el potencial evocado mientras que los eigenvectores que presentan oscilaciones de alta frecuencia corresponden a aquel subespacio donde reside el ruido basal del SNC.

¹Para conocer los detalles de la codificación de registros consúltese el apéndice B.

²Las épocas fueron muestreadas a una frecuencia muy por encima de la frecuencia de Nyquist por lo que es posible eliminar algunas muestras de los registros. Para conocer los detalles del remuestreo consúltese el apéndice B.

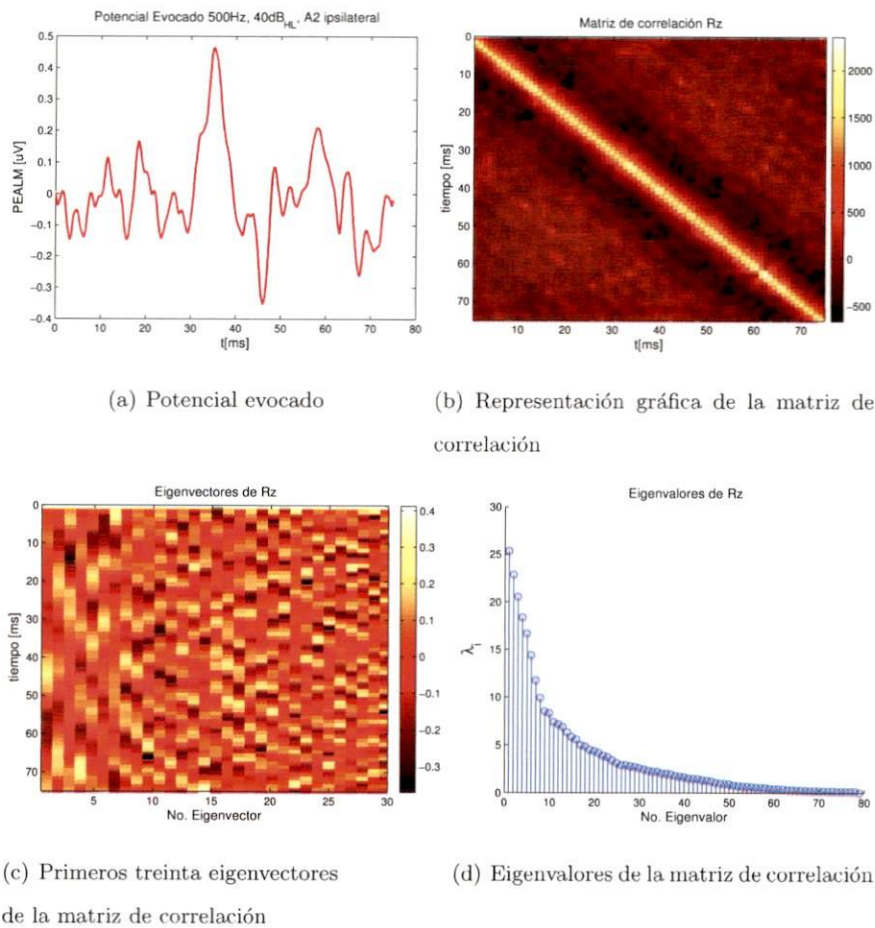


Figura 2.4: Las funciones base (componentes ortonormales) de un potencial evocado pueden obtenerse mediante la eigendescomposición de la matriz de correlación o mediante la descomposición en valores singulares de la matriz de épocas. Los eigenvectores que corresponden al subespacio de señal pueden ser identificados a partir de sus características espectrales y su eigenvalor asociado.

Determinación de la separación entre el subespacio de señal y el subespacio de ruido

En la sección 2.2.2 se describió el modelo matemático que concibe que el registro de EEG puede ser representado como un objeto que reside en un espacio vectorial N -dimensional y que la base de este espacio está constituida por la unión del subespacio donde reside el potencial evocado y el subespacio donde reside ruido generado por la actividad eléctrica

basal del SNC (recuérdese que los vectores base de estos subespacios se concentran en las matrices \mathbf{E}_s y \mathbf{E}_η respectivamente). Más adelante se mencionó que la base del espacio completo puede ser determinada a través de la eigendescomposición de la matriz de correlación \mathbf{Rz} y en última instancia a través de la descomposición en valores singulares de la matriz de datos \mathbf{X} . El siguiente paso en el camino para separar el potencial evocado de interés del ruido de fondo es identificar el punto que separa los eigenvectores del subespacio de señal de los eigenvectores del subespacio de ruido.

El problema de determinar la dimensión de cada subespacio pertenece al conjunto de problemas que tienen como común denominador el elegir de un conjunto de potenciales modelos, aquel que describa determinado sistema con un nivel de complejidad óptimo dada alguna métrica de bondad de ajuste. La valoración del compromiso entre complejidad y bondad de ajuste puede ser abordada desde una perspectiva empírica a través de criterios como el de Shibata o Jackknife, o desde una perspectiva teórica a través de criterios como el de Akaike, Rissanen o Schwarz [18] [19]. La selección del modelo representa siempre un tema controvertido dado que cada criterio resalta un conjunto de características del sistema sacrificando otro conjunto cuya importancia no puede ser categóricamente rechazada. Para efectos de este trabajo se abordará por una parte la solución *consensus gentium* ofrecida por los criterios de información de Akaike y Rissanen y por otra parte una solución que propone separar los subespacios a partir de la relación existente entre el contenido espectral de los eigenvectores de \mathbf{Rz} y la magnitud de su eigenvalor asociado.

Criterios de Akaike y Rissanen

Los criterios de Akaike (AIC) y Rissanen (MDL) se valen de la diferencia algebraica entre el número de parámetros P_0 que pueden ser considerados *importantes* y la función de verosimilitud de los parámetros θ_p del modelo determinados a partir de un conjunto de observaciones x_p del sistema que se busca describir. La complejidad óptima del sistema

está dada por el argumento mínimo P_0 de las definiciones de cada criterio [18]:

$$AIC(P_0) = -2\ln f_{x_p; \theta_p}(x_p; \theta_p) + 2P_0 \quad (2.19)$$

$$MDL(P_0) = -\ln f_{x_p; \theta_p}(x_p; \theta_p) + \frac{1}{2}P_0 \ln P_0 \quad (2.20)$$

Para el problema de separación de subespacios las expresiones anteriores toman la siguiente forma [20]:

$$AIC(P) = -2M(N - P)\ln\rho(P) + 2P(2N - P) \quad (2.21)$$

$$MDL(P) = -M(N - P)\ln\rho(P) + \frac{1}{2}P(2N - P)\ln(M) \quad (2.22)$$

donde $\rho(P)$ corresponde al cociente de las media geométrica y aritmética de los eigenvalores de \mathbf{Rz}

$$\rho(P) = \frac{(\lambda_{P+1}\lambda_{P+2}\dots\lambda_N)^{\frac{1}{N-P}}}{\frac{1}{N-P}(\lambda_{P+1} + \lambda_{P+2} + \dots + \lambda_N)} \quad (2.23)$$

Al aplicar el criterio de Akaike al registro mostrado en la figura 2.4 se obtiene que la base del subespacio de señal consta de los primeros cuatro vectores de la figura 2.4(c), estos vectores se muestran en la figura 2.5(a) graficados con amplitud normalizada. Como puede apreciarse sus características morfológicas remiten al trazo de los PEALM; la forma de combinar estos vectores para reconstruir la señal de interés se describirá en breve.

Criterio espectral

Al inspeccionar las ecuaciones 2.21 y 2.22 resulta evidente que bajo los criterios de Akaike y Rissanen la selección del orden del modelo (dimensión de cada subespacio)

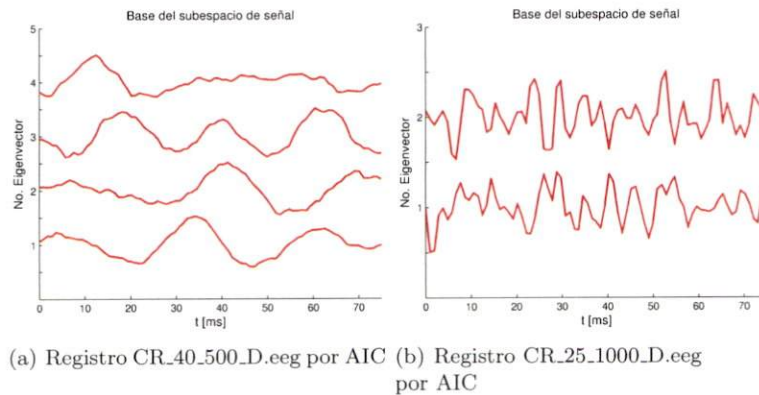


Figura 2.5: Los vectores base identificados por el criterio de Akaike pueden exhibir características morfológicas consistentes con las del PEALM (izquierda) o características morfológicas propias del ruido (derecha).

depende únicamente de los eigenvalores de \mathbf{Rz} y es independiente de las características morfológicas o espectrales de los vectores base de los subespacios de señal y ruido. En casos específicos como el que se ilustra en la figura 2.4, los eigenvalores que minimizan función descrita por la ecuación 2.21 corresponden a eigenvectores cuya morfología es consistente con la morfología de los PEALM reportada en la literatura, sin embargo como se ejemplificará a continuación la eigendescomposición de \mathbf{Rz} suele arrojar eigenvectores con un acomodo distinto. Para el ejemplo se toma el registro CR_1000_25_D.eeg cuyas condiciones de adquisición se mencionan a continuación:

- Intensidad de estimulación 25dB_{HL}
- Frecuencia de estimulación 1000Hz
- Adquisición de 522 épocas del canal ipsilateral derecho
- Ventana de adquisición 75ms
- Frecuencia de muestreo 20kHz
- Frecuencia de remuestreo 1069 Hz

En la figura 2.6 se muestra por una parte el resultado de aplicar promediación coherente a las 559 épocas que conforman el registro y por otra parte los eigenvectores y eigenvalores de la matriz de correlación. Al inspeccionar la figura resulta evidente que los eigenvectores asociados a los eigenvalores principales presentan oscilaciones rápidas cuyo significado fisiológico resulta difícil de interpretar, sin embargo entre los eigenvectores que no corresponden a los eigenvalores principales es posible observar que el subespacio formado por los eigenvectores de lenta oscilación alrededor del eigenvector 10 podría tener un significado fisiológico más plausible.

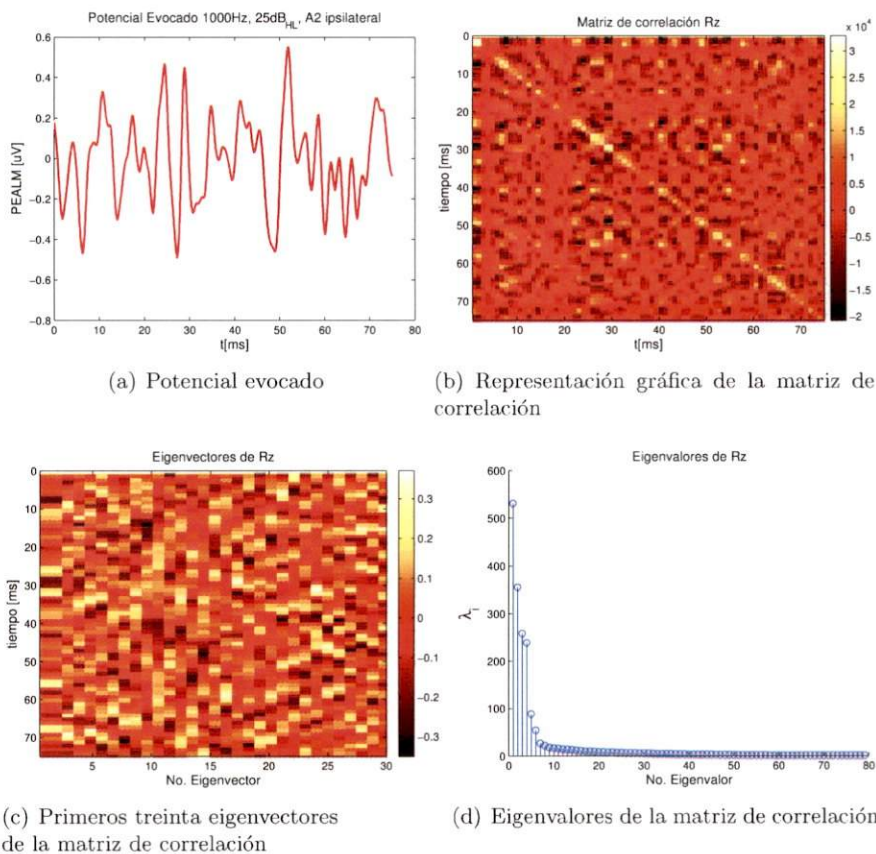


Figura 2.6: En registros contaminados por altos niveles de ruido el criterio de Akaike puede seleccionar eigenvectores cuyo eigenvalor asociado indique que pertenece a la base del potencial evocado aún cuando sus características espectrales no correspondan a las de los PEALM.

Al aplicar el criterio de Akaike al registro mostrado en la figura 2.6(a) se obtiene que la base del subespacio de señal consta de los primeros dos vectores de la figura 2.6(c) que se muestran detalladamente en la figura 2.5(b) graficados con amplitud normalizada. Como puede apreciarse sus características morfológicas no remiten fácilmente al trazo de los PEALM.

Por otra parte en la figura 2.7(a) se muestra la gráfica de los eigenvectores de lenta oscilación elegidos por inspección y como puede apreciarse su morfología remite a la de los PEALM en mayor medida que los eigenvectores identificados por el criterio de Akaike.

Dada la observación anterior se exploró la idea de realizar la separación de subespacios a partir del **borde espectral** de cada eigenvector teniendo como sustento el hecho de que los potenciales evocados de interés presentan un ancho de banda limitado al intervalo de 30 a 500Hz y que vectores base con ancho de banda fuera del rango mencionado podrían ser considerados como ruido generado por la actividad basal del SNC o artefactos en el electroencefalograma. Cabe mencionar que la idea de seleccionar el orden del modelo y los vectores base a partir de criterios espectrales ha sido explorada también por [21] en el campo de los potenciales evocados visuales obteniendo resultados similares a los que se reportan en este trabajo.

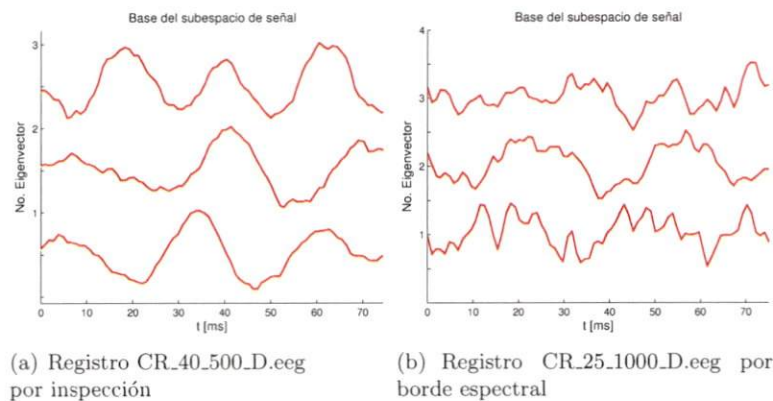


Figura 2.7: A diferencia del criterio de Akaike, la selección por inspección (izquierda) y el criterio de selección espectral (derecha) permiten identificar componentes consistentes con la morfología de los PEALM aún si el nivel de ruido es alto.

Para efectos de esta explicación, el borde espectral de cada función base contenida en los eigenvectores ϕ_i puede definirse como aquella frecuencia ω_o para la cual la energía acumulada en el intervalo $[0, \omega_o]$ equivale a un porcentaje de la energía total de la señal. Nótese que en este caso la norma unitaria de los eigenvectores y el teorema de Parseval permiten asegurar que la magnitud de la energía total de las funciones base es exactamente $\frac{1}{2}$. Considerando lo anterior y dada la transformada de Fourier de tiempo discreto $\mathfrak{F}(\phi_i)$ del i -ésimo eigenvector, el borde espectral ω_o de proporción r puede expresarse de acuerdo la ecuación 2.24.

$$\omega_o = \omega \left| \frac{1}{N} \sum_{j=0}^{\omega} |\mathfrak{F}(\phi_i)|^2 \right| = \frac{1}{2} r \quad (2.24)$$

Al elegir la base del subespacio de señal teniendo como criterio que el borde espectral 0.95 sea equivalente a 500Hz, los eigenvectores seleccionados corresponden a los mostrados en la figura 2.7(b) cuyo índice corresponde a 9, 11 y 15.

Reconstrucción del potencial evocado

Después de descomponer el registro de EEG en el conjunto de funciones base que lo conforman e identificar el conjunto de componentes que corresponden al subespacio de señal, surge la pregunta ¿cómo combinar estos eigenvectores para reconstruir el potencial evocado?. La respuesta a esta interrogante está dada por la ecuación (2.7) que describe el inverso de la Transformada discreta de Karhunen - Loève aplicada sobre el subespacio de señal. Esta ecuación indica que el potencial evocado es reconstruido al calcular la combinación lineal de los P eigenvectores del subespacio de señal ponderados por su correspondiente coeficiente k_i .

En la sección 2.2.2 se mencionó que el modelo matemático planteado parte de suposiciones que en términos estrictos no son correctas pero que generalmente son utilizadas para simplificar la construcción de metodologías de procesamiento de potenciales evocados. Para disminuir el impacto de estas suposiciones en la obtención de la señal de interés, en [22] se plantea una corrección a la transformada inversa de Karhunen - Loève que en

última instancia establece la reconstrucción del potencial evocado a través de la inclusión de factores de ganancia que dependen por una parte de la varianza del ruido basal del electroencefalograma y por otra de la magnitud de los eigenvalores de \mathbf{Rz} cuyo eigenvector asociado pertenece a las funciones elegidas como base del subespacio de señal (ecuaciones 2.25, 2.26 y 2.27).

$$\hat{\mathbf{s}} = \mathbf{E}_s \mathbf{\Gamma} \mathbf{E}_s^T \mathbf{z} \quad (2.25)$$

$$\mathbf{\Gamma} = \begin{bmatrix} \gamma_1^{\frac{1}{2}} & 0 & \dots & 0 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & \gamma_2^{\frac{1}{2}} & \dots & 0 & 0 & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & 0 & \dots & 0 \\ 0 & 0 & \dots & \gamma_P^{\frac{1}{2}} & 0 & \dots & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \quad (2.26)$$

$$\gamma_i = \exp\left(\frac{-2\sigma_n^2}{\lambda_i - \sigma_n^2}\right); i = 0 \dots P - 1 \quad (2.27)$$

Donde:

$\hat{\mathbf{s}}$ es la estimación del potencial evocado \mathbf{s}

$\mathbf{\Gamma}$ es una matriz $N \times N$ que contiene en sus primeros P elementos diagonales los factores de ponderación para la reconstrucción del potencial evocado.

γ_i es el i -ésimo factor de ponderación para la reconstrucción del potencial evocado

σ_n es la varianza de la señal electroencefalográfica (que en este trabajo se estima mediante ecuaciones de Yule-Walker resueltas mediante la recursión de Levinson-Durbin).

Al aplicar estas ecuaciones a los PEALM que se han utilizado en los ejemplos anteriores se obtienen las señales mostradas en la figura 2.8. En la figuras 2.8(a) y 2.8(b) se muestra el resultado de reconstruir el potencial evocado del registro CR_500_40_D.eeg a partir de las funciones base identificadas por el criterio de Akaike y por el criterio espectral

respectivamente. Por otra parte en las figuras 2.8(c) y 2.8(d) se muestra la reconstrucción del potencial evocado del registro CR_1000_25_D.eeg.

Dadas las condiciones de estimulación para obtener el primer registro, la morfología del potencial evocado es recuperada en buena medida por ambos criterios, sin embargo para condiciones de estimulación menos favorables en términos de la magnitud de la respuesta fisiológica la respuesta evocada es recuperada de mejor forma a través de la selección de funciones base por el criterio de borde espectral.

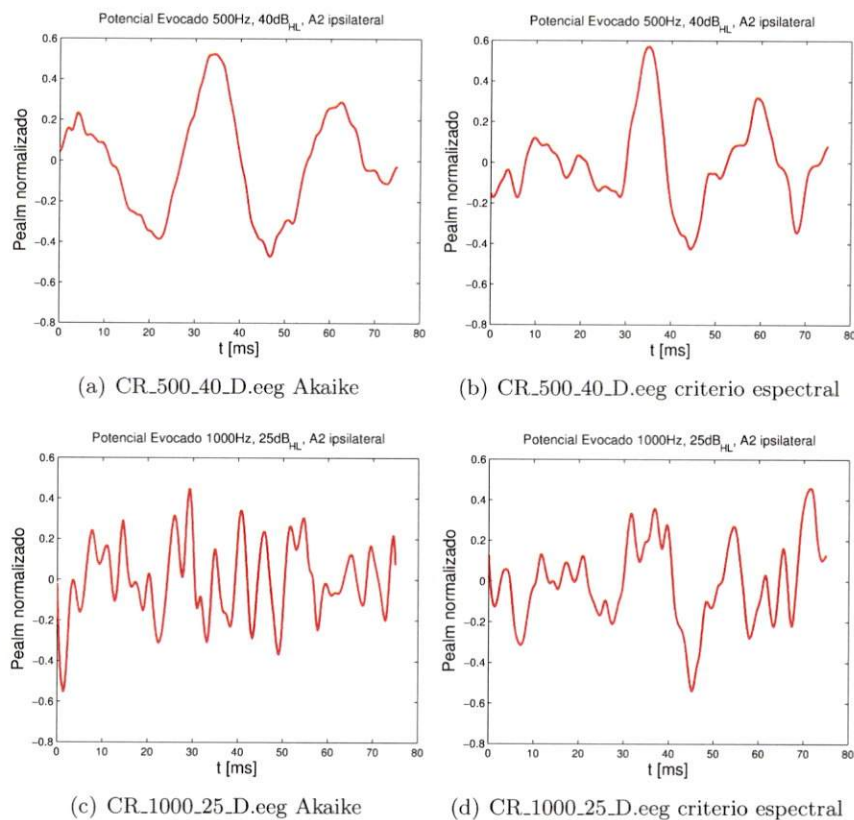


Figura 2.8: La selección de vectores base mediante el criterio espectral permite obtener resultados más consistentes que la selección mediante el criterio de Akaike aún cuando los registros estén contaminados por altos niveles de ruido.

Función de costo: Ordenamiento espectral

Hasta el momento se ha descrito el modelo matemático de separación por subespacios y se ha ejemplificado su comportamiento al seleccionar las funciones base del potencial evocado a través de la utilización de criterios de distinta índole, a saber, criterios de información y criterios de contenido espectral. Queda pendiente sin embargo utilizar estos elementos para diseñar una función de calidad que al ser maximizada de alguna forma permita obtener el potencial evocado a través de la simple promediación coherente de un conjunto de épocas.

Para el establecimiento de la función de calidad se plantea observar el comportamiento de los eigenvectores base de potenciales evocados que provienen de registros cuya selección de épocas ha sido llevada a cabo por un especialista clínico. En estos registros se presenta un efecto de acompasamiento entre el borde espectral de los eigenvectores base y el eigenvalor que los define como componentes principales o secundarias en términos del criterio de Akaike; en otras palabras en estos registros los componentes principales son aquellos cuya energía se concentra en la región de baja frecuencia mientras que sus componentes secundarios tienden a comportarse como ruido blanco. Esta situación se ilustra en la figura 2.9 donde se muestran por una parte los eigenvectores arrojados por la SVD de un subconjunto aleatorio de 292 épocas de un total de 559 del registro CR_1000_25_D.eeg y por otra parte los eigenvectores arrojados por la SVD del subconjunto de 292 épocas del mismo registro seleccionadas por un especialista clínico. En la figura puede observarse que para el caso de selección aleatoria los componentes principales presentan oscilaciones de alta frecuencia mientras que en el caso de la selección por un especialista los componentes principales presentan oscilaciones de baja frecuencia.

Ejemplos adicionales de este comportamiento bajo distintas condiciones de estimulación pueden revisarse en la figura 2.10, del mismo modo en la figura 2.11 se muestran las gráficas de caja del borde espectral del 95% para 144 registros de un mismo sujeto en condiciones de estimulación de intensidad de -5 a 40dB_{HL}, frecuencia de 500 a 3000Hz con adquisición ipsilateral y contralateral izquierda y derecha. En las figuras 2.11(a) y 2.11(b)

se muestra un acercamiento a los índices de los primeros quince eigenvectores donde puede apreciarse la diferencia entre la distribución del borde espectral en cada tipo de selección de épocas. Por otra parte en las figuras 2.11(c) y 2.11(d) se muestra el comportamiento de los primeros sesenta eigenvectores donde como es de esperarse en ambas modalidades el borde espectral tiende a reflejar un comportamiento de ruido coloreado.

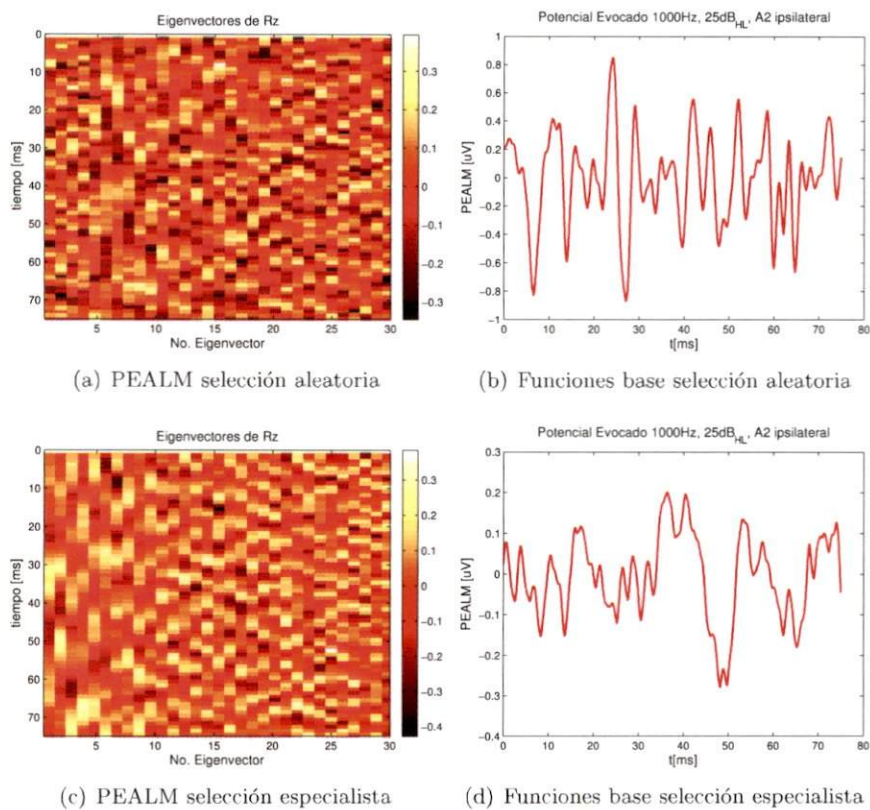


Figura 2.9: La selección de épocas por parte de un especialista tiene el efecto de trasladar los eigenvectores de baja frecuencia a la región de componentes principales, al hacer esto el promedio de épocas arroja una señal cuya morfología es consistente con la de los PEALM.

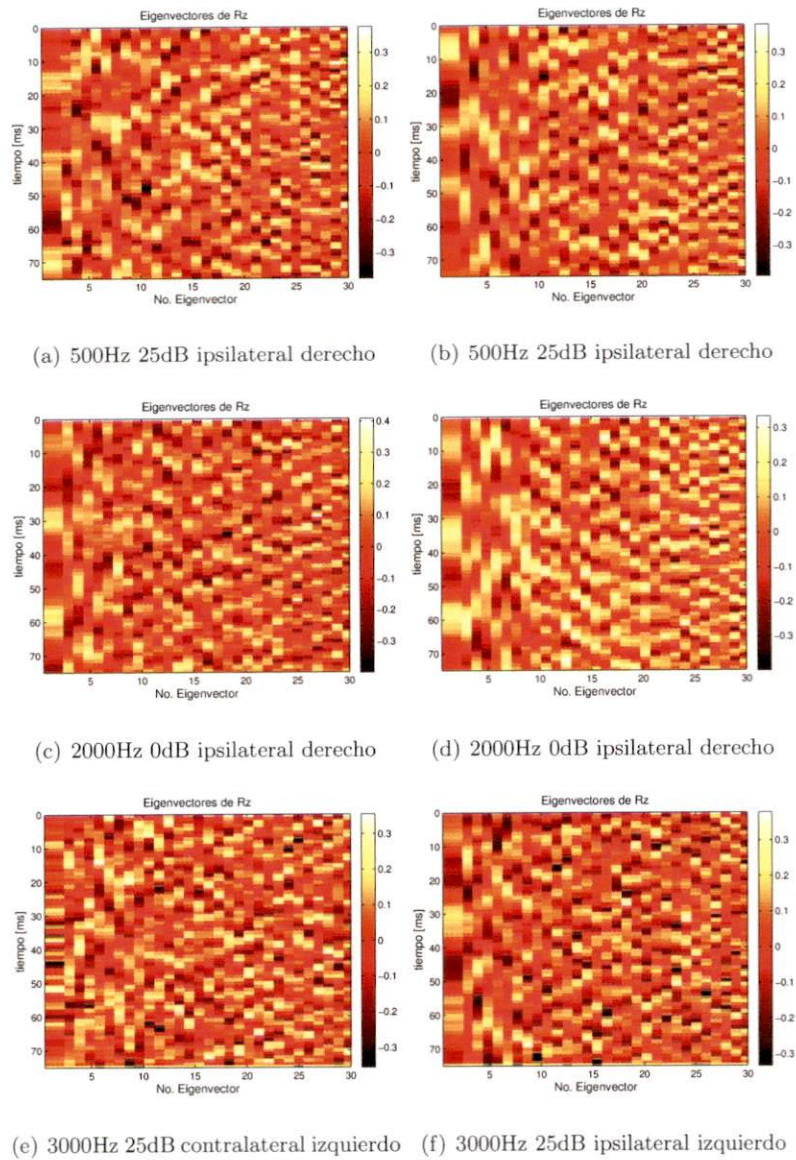


Figura 2.10: Ejemplos adicionales de comparación de eigenvectores base a partir de la selección aleatoria de épocas (izquierda) y selección por un especialista clínico (derecha). Nótese que los eigenvectores de la matriz de correlación de las épocas seleccionadas por el especialista presentan vectores de lenta oscilación en la región de componentes principales mientras que la matriz de correlación de las épocas seleccionadas aleatoriamente presenta oscilaciones de mayor frecuencia.

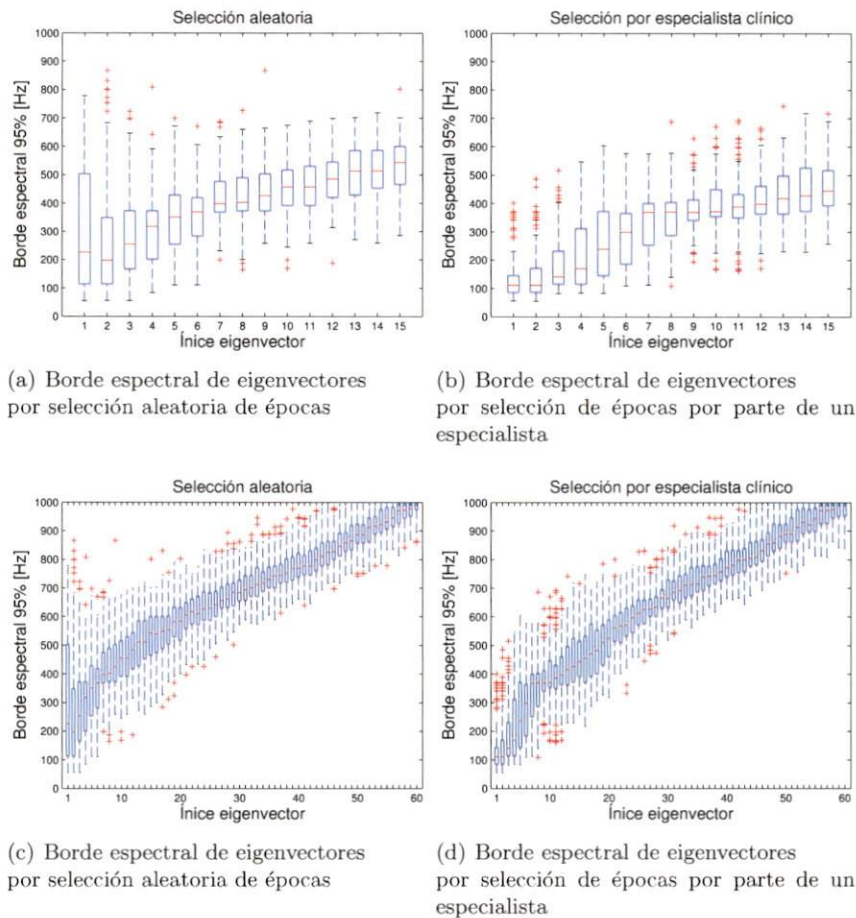


Figura 2.11: El borde espectral de los componentes principales de los PEALM obtenidos mediante la selección de épocas por parte de un especialista tiende a concentrarse en frecuencias por debajo de los 200Hz mientras que el borde espectral de los PEALM obtenidos mediante selección aleatoria de épocas tiende a presentar valores distribuidos de 50 a 800Hz.

Este efecto al que de aquí en adelante se hará referencia como **ordenamiento espectral** puede pensarse como un modelo de relación señal a ruido en donde cada eigenvector tiene una contribución a la morfología del potencial evocado proporcional a la magnitud de su eigenvalor asociado, de esta forma es posible maximizar la contribución de los eigenvectores de baja frecuencia y minimizar la contribución de los eigenvectores de alta frecuencia.

Tomando en cuenta lo anterior se consideran las siguientes definiciones:

Γ_λ Conjunto de índices de los eigenvectores base del potencial evocado $\Gamma_\lambda = \{1 \dots N\}$

Ω_s Conjunto de índices de los eigenvectores con borde espectral por debajo de 300Hz

Θ_η Conjunto de índices de los eigenvectores con borde espectral sobre de 300Hz

Dadas las definiciones anteriores donde por construcción se verifica la relación $\Gamma_\lambda = \Omega_s \cup \Theta_\eta$ se define la función de costo **ordenamiento espectral por cociente** como el cociente entre la sumatoria de los eigenvalores de baja frecuencia y la sumatoria de los eigenvalores de alta frecuencia:

$$SNR = \frac{\sum_{i \in \Omega_s} \lambda_i}{\sum_{i \in \Theta_\eta} \lambda_i} \quad (2.28)$$

Del mismo modo se plantea la función de costo **ordenamiento espectral por varianza** donde la calidad del conjunto de épocas es medida como el cociente entre la suma de los eigenvalores de baja frecuencia y la varianza muestral de la suma de eigenvalores asociados a eigenvectores de alta frecuencia (de esta forma se busca resaltar el punto de separación entre el subespacio de señal y el subespacio de ruido):

$$Qv = \frac{\sum_{i \in \Omega_s} \lambda_i}{\frac{1}{Q-1} \sum_{i \in \Theta_\eta} (\lambda_i - \bar{\lambda}_\eta)^2} \quad (2.29)$$

Donde:

Qv es la calidad del conjunto de épocas

$\bar{\lambda}_\eta$ es la media de los eigenvalores asociados a eigenvectores de alta frecuencia

Q es la dimensión del subespacio de ruido

La pertinencia de estas definiciones para la función de costo se ilustra en las figuras 2.12(a) y 2.12(b) donde se muestra la gráfica de cajas para el valor de la función en los 144 registros mencionados previamente. Como puede observarse los histogramas sólo se traslapan en aproximadamente un cuartil de la distribución por lo que puede esperarse que al maximizar estas funciones de costo a través de algoritmos genéticos se facilitará la identificación visual del potencial evocado resultante.

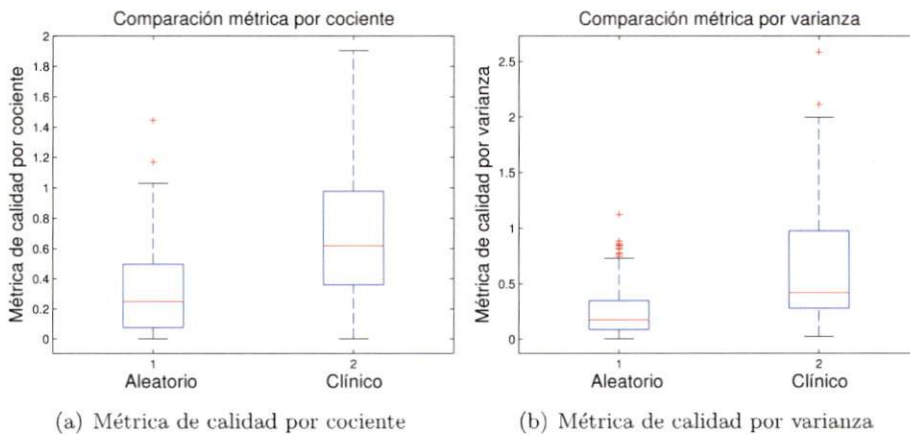


Figura 2.12: Al igual que el Índice FSP, las métricas de Ordenamiento Espectral por Varianza y Ordenamiento Espectral por Cociente exhiben valores más altos para los PEALM obtenidos a partir de la promediación de épocas seleccionadas por un especialista respecto a los PEALM obtenidos a partir de promediación aleatoria de épocas.

2.2.3. Condicionamiento de la función de calidad

Con la finalidad de obtener subconjuntos de épocas cuya cardinalidad sea consistente con la cardinalidad de los subconjuntos obtenidos en [2] mediante selección visual, se induce un sesgo en función de calidad que beneficia aquellos subconjuntos formados por $m = 300$ épocas (figura 2.13). Este sesgo consiste en ponderar la función de calidad por una envolvente Gaussiana con parámetros $\mathcal{N}(\mu, \sigma)$ $\mu = 300$ y $\sigma = 50$. Al aplicar esta

ponderación las ecuaciones 2.1, 2.28 y 2.29 se reescriben como:

$$FSP = M \frac{\text{var}(pealm)}{\text{var}(t_{sp})} \cdot \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} e^{-(m-\mu)^2/2\sigma^2} \quad (2.30)$$

$$SNR = \frac{\sum_{i \in \Omega_s} \lambda_i}{\sum_{i \in \Theta_\eta} \lambda_i} \cdot \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} e^{-(m-\mu)^2/2\sigma^2} \quad (2.31)$$

$$Qv = \frac{\sum_{i \in \Omega_s} \lambda_i}{\frac{1}{Q-1} \sum_{i \in \Omega_\eta} (\lambda_i - \bar{\lambda}_\eta)^2} \cdot \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} e^{-(m-\mu)^2/2\sigma^2} \quad (2.32)$$

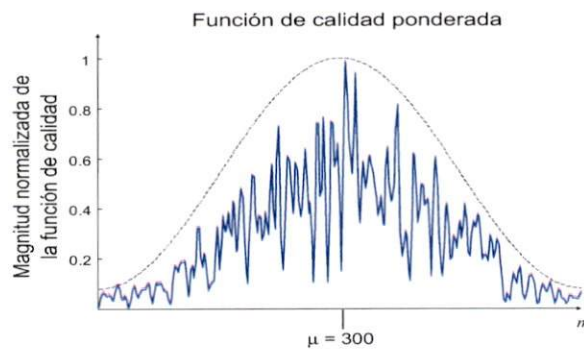


Figura 2.13: La ponderación de la función de calidad mediante una envolvente Gaussiana permite condicionar el máximo de la función a subconjuntos formados por 300 épocas.

2.3. Algoritmos genéticos

2.3.1. Contexto

Los algoritmos genéticos pertenecen a un conjunto de herramientas de optimización conocidas como métodos de búsqueda estocástica que permiten determinar la solución de problemas a través de procesos iterativos de ensayo y error sobre un espacio de soluciones potenciales donde la bondad de cada solución es evaluada por alguna función de calidad [23]. En el terreno de los potenciales evocados el conjunto de soluciones está constituido por las $2^M - 1$ posibles combinaciones de épocas mientras que la bondad de cada solución está dada por la *calidad* del potencial evocado resultante. Como se mencionó en la sección anterior, la gran cardinalidad del espacio de solución hace impráctico (si no es que imposible) determinar la mejor solución a través de la evaluación exhaustiva de las $2^M - 1$ posibles combinaciones.

En publicaciones recientes se ha documentado la aplicación de distintos métodos de búsqueda estocástica en campos que van desde el diseño de antenas aeroespaciales [24] hasta el diseño de mezclas de mercadotecnia [25], pasando por el diseño de medicamentos [26] y el diseño de algoritmos de procesamiento de imágenes [27]. Independientemente de la aplicación, la principal razón de existir de cualquier método de búsqueda estocástica es para determinar los extremos de funciones multivariadas sujetas a una o más restricciones a través de medios numéricos. En la literatura existe una gama de métodos documentados, sin embargo los que pueden resultar más representativos se enlistan a continuación [23]:

- Algoritmos genéticos
- Recocido simulado
- Algoritmos de enjambre (hormigas, abejas, luciérnagas)

La elección del método dependerá de la facilidad de implementación en cada problema, del desempeño deseado y de los recursos computacionales disponibles. La descripción de las características de cada algoritmo está fuera del objetivo de este trabajo, sin embargo se puede consultar [23] para una revisión más profunda del tema.

En este trabajo el principal criterio para elegir algoritmos genéticos como método de búsqueda del potencial evocado *óptimo* fue su idoneidad para resolver problemas basados en la presencia o ausencia de rasgos puntuales en la solución. Como se verá más adelante, esta cualidad de los algoritmos genéticos permite implementar fácilmente la búsqueda del potencial evocado *óptimo* al considerar la presencia o ausencia de cada época como un rasgo codificado mediante una variable binaria.

2.3.2. Descripción

Para el desarrollo de la explicación del concepto y aplicación de algoritmos genéticos se considerará el problema de hallar el **máximo** de una función $L(\theta_f)$ sujeto a $\theta_f \in \Theta$. La solución más popular a este problema desde el punto de vista de métodos numéricos consiste en implementar un algoritmo a partir del vector gradiente cuya operación consiste en *navegar* el dominio en la dirección de mayor crecimiento de la función hasta cumplir cierto criterio de paro. Desde el punto de vista de algoritmos genéticos la determinación del máximo de la función parte de la idea de que cualquier elemento del dominio θ_f elegido aleatoriamente es una solución potencial al problema, la evaluación de la calidad de cada solución se lleva a cabo a través de la observación de la imagen correspondiente en $L(\theta_f)$ donde dado un conjunto de G soluciones potenciales se considera como mejores candidatos a aquellos elementos de un subconjunto $g \in G$ cuya imagen tenga la mayor magnitud.

El punto clave en los algoritmos genéticos consiste en asumir que la combinación iterativa de los mejores candidatos con otros elementos del dominio generará soluciones potenciales cuya imagen en $L(\theta_f)$ será cada vez mayor y dado un criterio de paro *adecuado* el resultado converge a un máximo (al menos) local de la función objetivo. Estas ideas se

ilustran en la figura 2.14 donde se hace la selección aleatoria de puntos en la región $\theta_f = -3 \leq x \leq 3, -3 \leq y \leq 3$ del dominio del paraboloides descrito por la ecuación $z = -(x^2 + y^2) + 10$. En la figura 2.14(a) se muestra la selección de puntos en el plano XY mientras que en la figura 2.14(b) se muestra la imagen completa del paraboloides en la región θ resaltando la imagen de los puntos aleatorios.

En la tabla 2.1 se enlista la imagen z de los puntos de la región θ_f elegidos aleatoriamente, al observar la tabla puede verificarse que en este caso los mejores elementos son las coordenadas $(0.40, 0.49)$, $(0.20, -1.46)$ y $(-1.13, 1.49)$. Para capturar la esencia de los algoritmos genéticos nótese que si se ejecuta la combinación de los primeros dos vectores intercambiando la coordenada y , se obtienen los vectores $(0.40, -1.46)$ y $(0.20, 0.49)$ cuya imagen es 7.70 y 9.72 respectivamente, al comparar este resultado con los mencionados en la tabla resulta evidente que esta combinación permite llegar a una solución *más adecuada* que cualquiera de las enlistadas previamente. Este comportamiento de los algoritmos genéticos los ha convertido en una popular herramienta para la solución de problemas de optimización.

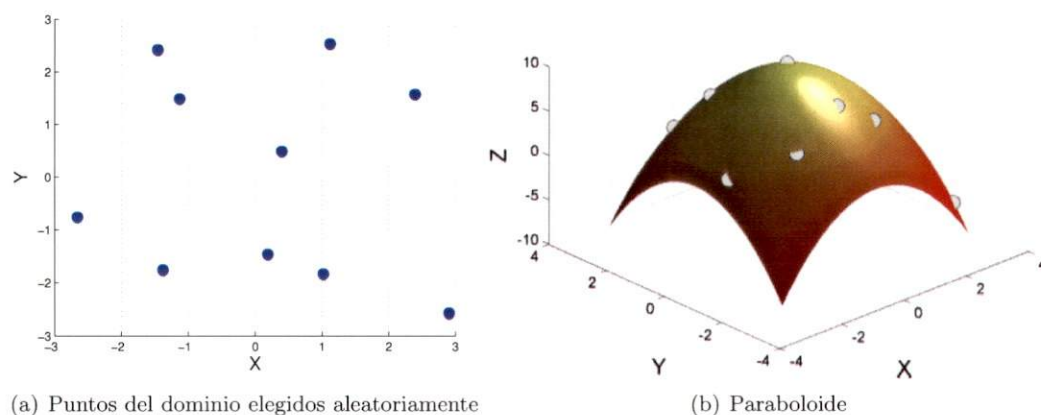


Figura 2.14: Todos los puntos del dominio constituyen una solución potencial al problema de maximización. En el ejemplo del paraboloides la calidad de cada solución potencial es proporcional a la imagen del paraboloides evaluada en cada solución.

x	y	z
0.40	0.49	9.60
0.20	-1.46	7.83
-1.13	1.49	6.52
1.03	-1.83	5.60
-1.37	-1.75	5.04
-2.65	-0.76	2.40
1.12	2.53	2.35
-1.45	2.42	2.04
2.40	1.57	1.78
2.91	-2.57	-5.08

Tabla 2.1: Imagen de selección aleatoria en θ

Antes de describir el algoritmo genético conviene establecer la definición de los elementos y operaciones esenciales que intervienen en su implementación y ejecución [23]:

Población: Conjunto de soluciones potenciales. En el ejemplo de maximización de funciones la población está dada por cada elemento (x, y) de la región θ_f .

Cromosoma: Elemento elegido aleatoriamente de la población. En el ejemplo de maximización de funciones cada vector (x, y) enlistado en la tabla 2.1 constituye un cromosoma de la población.

Cromosomas elitistas: Subconjunto de cromosomas que resultan en soluciones más adecuadas para el problema de optimización dada alguna métrica de calidad. En el ejemplo de maximización de funciones los cromosomas elitistas pueden elegirse como los vectores $(0.40, 0.49)$, $(0.20, -1.46)$ y $(-1.13, 1.49)$.

Gen: Característica elemental de cada cromosoma. En el ejemplo de maximización de funciones las componentes x y y de cada vector constituyen los genes del cromosoma.

Cruce: Intercambio de información entre los cromosomas. En el ejemplo de maximización de funciones el intercambio de la coordenada y entre los cromosomas constituye una operación de cruce.

Mutación: Perturbación o modificación marginal en un cromosoma. En el ejemplo de

maximización de funciones una operación de mutación puede ejecutarse sumando un vector aleatorio de *pequeña magnitud* a cada cromosoma.

Dadas las definiciones anteriores, el algoritmo genético simple consta de la siguiente secuencia de pasos [23]:

▪ **Paso 0. Inicialización**

Generar una población aleatoria de N_e cromosomas y evaluar la función de costo $L(\theta_f)$ para cada uno.

▪ **Paso 1. Selección de padres**

En la población recién generada, reemplazar N_e cromosomas por los N_e cromosomas que resultaron más aptos de acuerdo con la evaluación de la función de calidad realizada en la iteración anterior (en caso de ser la primera iteración no se ejecuta ningún reemplazo).

▪ **Paso 2. Cruce**

Para cada par de cromosomas aptos identificados en el paso 1, ejecutar la operación de cruce en un punto aleatorio entre sí y con otros elementos de la población. La operación de cruce debe realizarse con una probabilidad de ocurrencia P_c *alta* ($P_c > 0,8$).

▪ **Paso 3. Mutación**

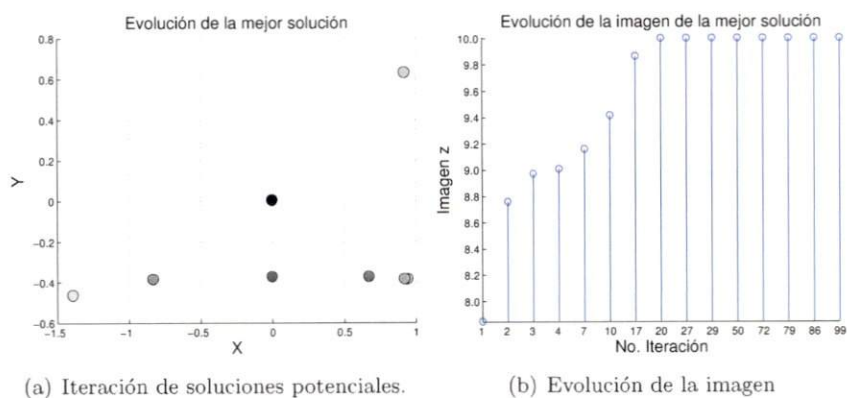
Para cada cromosoma ejecutar la operación de mutación con una probabilidad de ocurrencia P_m *baja* ($P_m < 0,3$).

▪ **Paso 4. Evaluación**

Para cada cromosoma calcular la imagen de la función de costo y evaluar el criterio de paro, si el criterio de paro se ha cumplido detener el algoritmo, en caso contrario regresar al paso 1.

2.3.3. Ejemplos

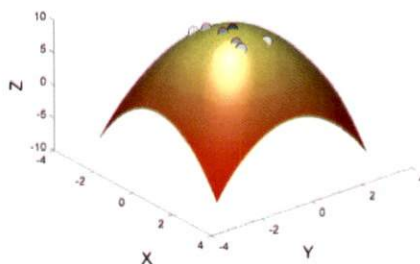
En el apéndice E.1 se muestra el código Matlab de la implementación del algoritmo genético para hallar el máximo del paraboloide mencionado, por otro lado en las figuras 2.15(a) a 2.15(c) se muestra la evolución de la solución a lo largo de la ejecución del algoritmo. La figura 2.15(a) muestra la ubicación de los puntos elegidos como mejor solución en cada iteración, el color del punto indica el número de iteración dentro de una escala de grises correspondiendo el punto blanco a la primera iteración y el punto negro a la última. Por otra parte la figura 2.15(b) muestra la magnitud de la imagen y la figura 2.15(c) muestra la ubicación de los puntos sobre la superficie del paraboloide. Vale la pena recalcar que sólo se muestran aquellas iteraciones en las que se produjo un cambio en la imagen del individuo más apto.



(a) Iteración de soluciones potenciales.

(b) Evolución de la imagen

Máximo localizado en (-0.0045, 0.0045)



(c) Evolución del algoritmo genético

Figura 2.15: Durante la ejecución del algoritmo genético la solución final converge a partir de la combinación de las mejores soluciones anteriores.

Como ejemplos adicionales de la maximización de funciones mediante algoritmos genéticos, en las figuras 2.16(a) a 2.16(d) se muestra la evolución de la solución sobre otras superficies como la función seno cardinal, la función peaks, la función de Rosenbrock y la función de Rastrigin.

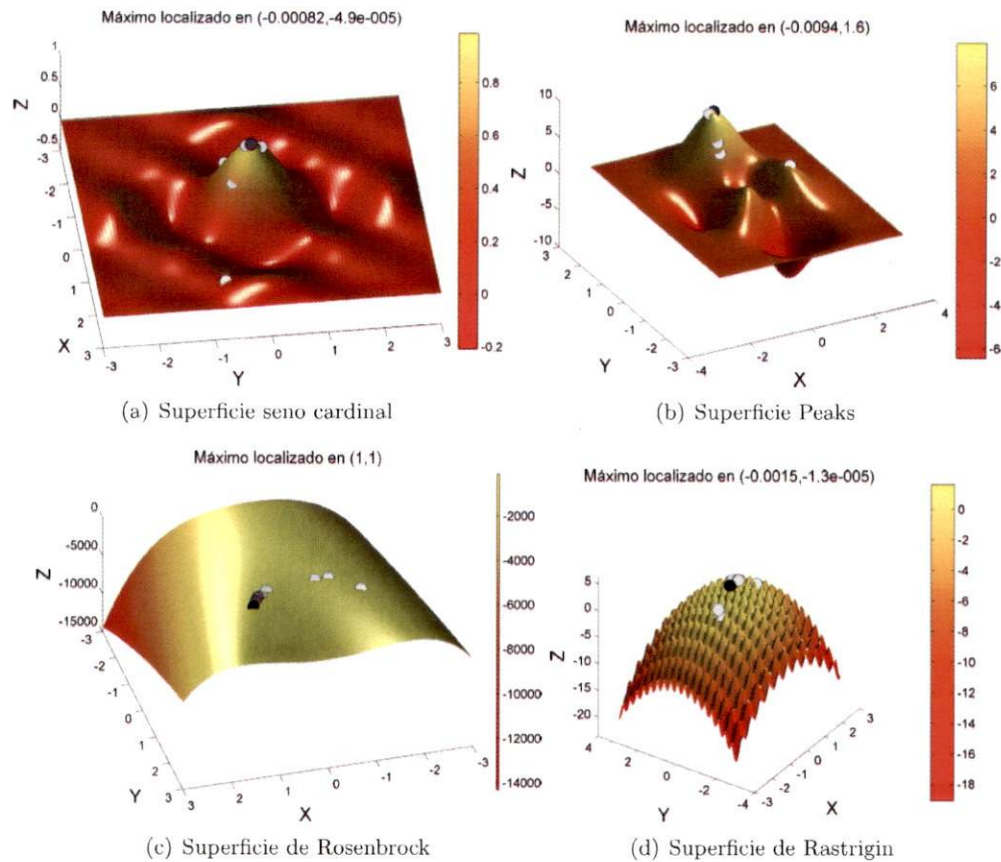


Figura 2.16: Evolución de la solución proporcionada por el algoritmo genético en distintas superficies. Los puntos más claros representan las primeras iteraciones del algoritmo mientras que el punto negro representa la solución final.

En la tabla 2.2 se muestra la ecuación que describe cada superficie así como la ubicación de su máximo global, del mismo modo en el título de cada figura se indica la ubicación del máximo hallado por el algoritmo genético. Como puede observarse la solución hallada por el algoritmo genético es *muy cercana* a la solución analítica, aunque el objetivo de este trabajo no es el de realizar el análisis de sensibilidad de esta implementación de los algoritmos genéticos, vale la pena mencionar que la velocidad de convergencia depende

de los parámetros de cruce, mutación, número de cromosomas y elitismo, por lo que el comportamiento mostrado en figura 2.16 puede verse modificado al establecer parámetros distintos a los descritos en el apéndice E.1.

Función	Ecuación	Máximo global
Seno cardinal	$z = \frac{\sin(x)}{x} \cdot \frac{\sin(y)}{y}$	(0,0)
Peaks	$z = 3(1-x)^2 \cdot e^{-x^2-(y+1)^2} - 10\left(\frac{1}{5}x - x^3 - y^5\right) \cdot e^{-x^2-y^2} - \frac{1}{3}e^{-(x+1)^2-y^2}$	(0,1.6)
Rosenbrock	$z = -(1-x)^2 - 100(y-x^2)^2$	(1,1)
Rastrigin	$z = \cos(12x) + \cos(18y) - x^2 - y^2$	(0,0)

Tabla 2.2: Imagen de selección aleatoria en θ

Notas relevantes sobre los algoritmos genéticos

La descripción matemática de los algoritmos genéticos está dada por el *Teorema de esquemas* planteado por Holland en 1975. En años posteriores autores como Goldberg, Rawlins, Whitley y Vose realizaron extenso trabajo en formalizar la descripción teórica de estos algoritmos [28]. No obstante autores como [29] aseguran que a la fecha el teorema de esquemas carece de una base teórica sólida y en algunos casos es simplemente inconsistente y esto conlleva las siguientes implicaciones:

- No se tiene certeza de que la solución proporcionada converge a un óptimo global.
- La solución final es óptima sólo en términos de las soluciones halladas previamente por lo que no es posible establecer claramente un criterio de paro.
- Su comportamiento no ha sido descrito en términos formales por lo que no es posible estimar el número de iteraciones que requieren para converger.
- Su desempeño depende de los parámetros de tamaño de población, tasa de cruce y tasa de mutación.

En este trabajo los algoritmos genéticos son utilizados como una herramienta de búsqueda cuyo comportamiento puede modificarse y caracterizarse empíricamente a través de los parámetros de cruce, mutación y número de iteraciones. No se busca realizar ningún análisis teórico sobre su funcionamiento ni se realizan análisis de sensibilidad paramétrica, el esfuerzo de este trabajo está concentrado en la definición de funciones que permitan valorar y maximizar localmente la calidad del potencial evocado a partir de la selección iterativa de épocas.

2.3.4. Aplicación a potenciales evocados

Codificación de cromosomas

La estructura de los algoritmos genéticos permite modelar cada posible promedio como cromosomas en los que cada gen indica mediante una variable binaria la presencia o ausencia de una época o un subconjunto de épocas. En la figura 2.17(a) se muestra un ejemplo de la codificación de un cromosoma y en la figura 2.17(b) se ilustra la extensión de este concepto para el conjunto de $2^M - 1$ posibles cromosomas.

La codificación de genes formados por subconjuntos de épocas permite disminuir la cardinalidad del espacio de búsqueda y por lo tanto acelerar la convergencia del algoritmo genético, bajo esta óptica cada gen denota la presencia o ausencia de un conjunto de k_c épocas y el número de posibles soluciones se reduce a $\mathcal{E}' = 2^{\frac{M}{k_c}} - 1$ (debido a que resulta aventurado asegurar que en todos los casos el cociente $\frac{M}{k_c}$ resultará en un número entero, se descarta en forma arbitraria las últimas $M \bmod k_c$ épocas disponibles del registro donde \bmod denota el operador de división modular). La forma de los nuevos cromosomas se ilustra en la figura 2.18(a) mientras que en la figura 2.18(b) se ilustra un ejemplo en el que se crea un cromosoma de longitud $L_c = 10$ a partir de $M = 100$ épocas agrupadas en $k_c = 10$ épocas por gen, nótese que la asignación de épocas en cada gen obedece una distribución de probabilidad uniforme.

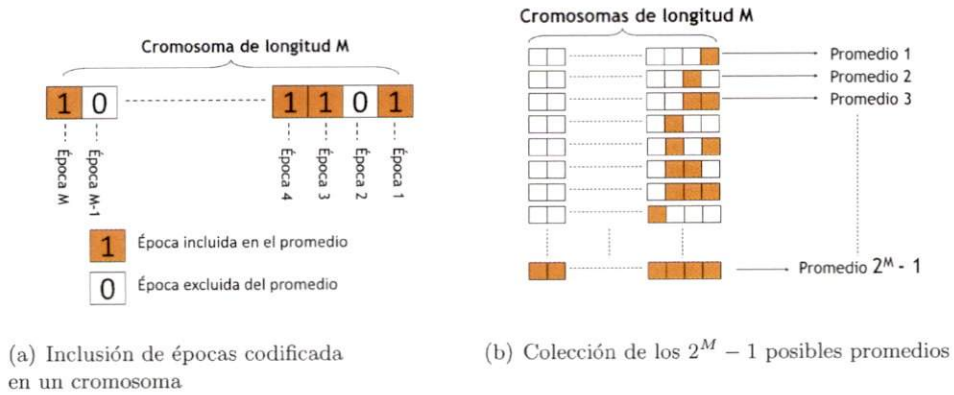
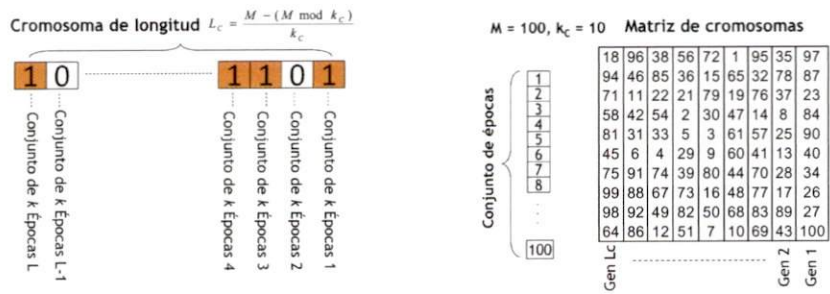


Figura 2.17: Los cromosomas se codifican como vectores binarios M -dimensionales donde '1' representa la inclusión de una época y '0' representa la exclusión de la misma del promedio.



(a) Creación de genes a partir de grupos de épocas (b) Distribución de épocas en un cromosoma.

Figura 2.18: Con la finalidad de disminuir la cardinalidad del espacio de búsqueda es posible agrupar varias épocas en un solo cromosoma de forma que la aseveración o negación de un gen implica la inclusión o exclusión de un grupo de épocas.

Población

La población de cromosomas se forma a partir de elementos aleatorios y de elementos elitistas encontrados después de ejecutar la primera iteración del algoritmo. En este trabajo se utilizaron poblaciones de $N_c = 100$ elementos estructurados de la forma que se ilustra en la figura 2.19(a).

Los primeros N_e elementos de la población corresponden a los cromosomas elitistas encontrados en la última iteración y no son sometidos a cruce o mutación con la finalidad de asegurar que los mejores elementos de la iteración anterior serán comparados con los elementos de la nueva generación. Los siguientes N_e elementos corresponden nuevamente a los cromosomas elitistas encontrados en la iteración anterior con la diferencia que estos cromosomas son sometidos a cruce y mutación entre sí. Finalmente los $N_c - 2 \cdot N_e$ cromosomas restantes están compuestos por los N_e cromosomas elitistas de la generación anterior mezclados con $N_c - 3 \cdot N_e$ cromosomas aleatorios, en esta sección de la población se efectúa el cruce de cromosomas elitistas con cromosomas aleatorios. En la figura 2.19(b) se muestra un ejemplo de una población con $N_c = 10$ cromosomas de los cuales $N_e = 2$ corresponden a cromosomas elitistas (resaltados en color).

N_e cromosomas elitistas (no son sometidos a cruce o mutación)
N_e cromosomas elitistas (son sometidos a cruce y mutación entre sí)
N_e cromosomas elitistas mezclados con $N_c - 3 \cdot N_e$ cromosomas aleatorios (son sometidos a cruce y mutación entre sí)

(a) Estructura de la población

1	1	0	0	0	0	1	1	0	0
0	0	0	1	0	0	1	1	1	1
1	1	0	0	0	0	1	1	0	0
0	0	0	1	0	0	1	1	1	1
1	0	0	0	0	0	0	1	1	1
1	0	1	1	0	1	0	1	1	0
1	1	0	0	0	0	1	1	0	0
0	1	0	1	0	1	1	1	1	0
1	1	0	1	0	0	1	0	1	0
0	0	0	1	0	0	1	1	1	1

(b) Ejemplo de una población de diez cromosomas compuestos por diez genes.

Figura 2.19: En la implementación del algoritmo genético se plantea una población formada por elementos elitistas que no son sometidos a las operaciones de cruce y mutación, elementos elitistas que son sometidos a dichas operaciones entre sí y elementos elitistas que son sometidos a dichas operaciones con elementos aleatorios.

Cruce y mutación

En el ejemplo de maximización de funciones las operaciones de cruce y mutación estaban dadas por el intercambio de coordenadas entre los vectores de la población y por la adición de una desviación marginal respectivamente. En el caso de potenciales evocados

la operación de cruce está dada por el intercambio de secciones del cromosoma en puntos aleatorios mientras que la operación de mutación está dada por la negación de un gen seleccionado en forma aleatoria. En la figura 2.20 se ilustran estos conceptos para un par de cromosomas; en este caso el punto de cruce se define entre el octavo y noveno gen (contando de izquierda a derecha) mientras que el punto de mutación se define en el décimo cuarto y décimo segundo gen para cada cromosoma resultante (nótese que en este ejemplo el color de cada gen es utilizado únicamente para denotar la sección del cromosoma original al que pertenece, cada gen puede aseverar o negar la presencia de una época o conjunto de épocas).

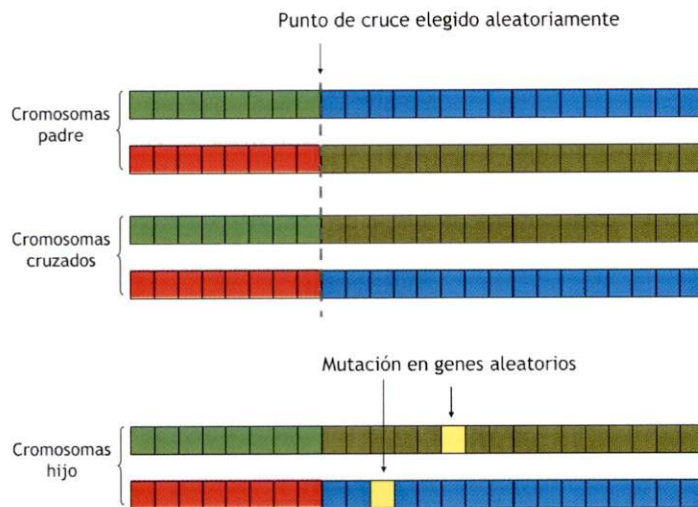


Figura 2.20: La operación de cruce tiene lugar intercambiando segmentos aleatorios de los cromosomas mientras que la operación de mutación tiene lugar negando genes aleatorios dentro de cada cromosoma.

Evaluación y criterio de paro

La evaluación de los conjuntos de épocas definidos por cada cromosoma de la población se realiza calculando el valor de alguna de las funciones de calidad descritas previamente mientras que el criterio de paro consiste en detener el algoritmo cuando la magnitud de la

función de costo no presente variaciones superiores al 10 % en las 50 últimas iteraciones o cuando se hayan ejecutado mil iteraciones.

Implementación del algoritmo genético

El algoritmo genético fue implementado en el lenguaje de cómputo técnico Matlab versión 7.0(R14). En las figuras 2.21(a) y 2.21(b) se muestran los dos diagramas de flujo principales y en los apéndices C y E se muestran el resto de los diagramas de flujo y el código fuente de la implementación del algoritmo genético.

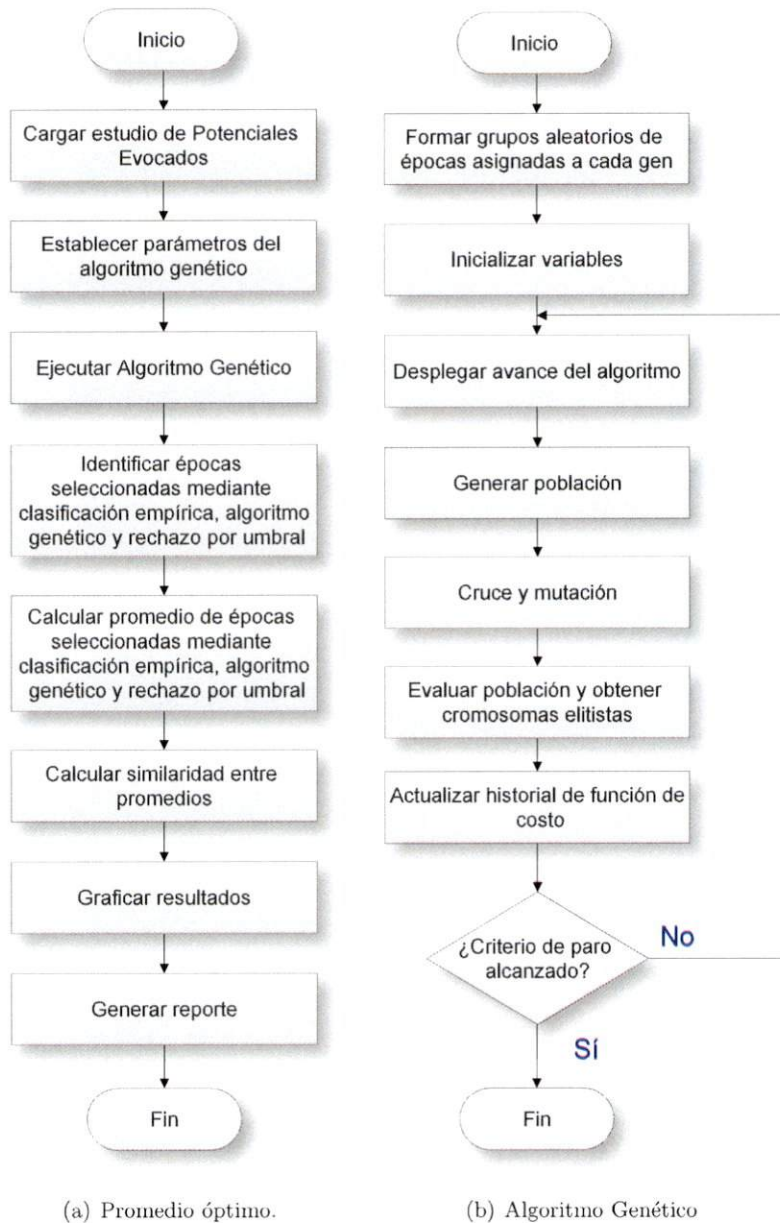


Figura 2.21: Diagramas de flujo de la identificación del subconjunto óptimo.

2.4. Valoración de semejanza y consistencia de selección

Si bien la estrategia de selección de épocas a través del algoritmo genético permite identificar un subconjunto que bajo cierta medida maximiza la calidad del potencial evocado, es necesario valorar la medida en la cual la señal resultante se asemeja morfológicamente a la señal obtenida mediante selección empírica de épocas y al mismo tiempo resulta interesante analizar la consistencia entre las épocas seleccionadas por el algoritmo genético y las épocas seleccionadas empíricamente por un especialista clínico. Para valorar la semejanza entre las señales y la consistencia de selección del algoritmo se utilizan las métricas descritas a continuación.

2.4.1. Distancia de Mahalanobis

La distancia de Mahalanobis (DM) se eligió debido a que incorpora elementos estadísticos en la determinación de la proximidad de vectores aleatorios como los que se muestran en la figura 2.22(a) donde la matriz de covarianza está dada por la ecuación 2.34. Para explicar el concepto de esta medida de distancia puede pensarse en que bajo la descripción de distancia euclidiana todos los vectores ubicados sobre una circunferencia son igualmente distantes al centro independientemente de si yacen sobre regiones de alta o baja dispersión como en el ejemplo son las direcciones del plano cartesiano \hat{i} y \hat{j} respectivamente. A diferencia de la distancia euclidiana, la distancia de Mahalanobis incorpora la varianza en cada dirección permitiendo considerar el nivel de dispersión en cada dirección, esto se muestra en la figura 2.22(b) donde se grafica la distancia de Mahalanobis para los vectores que yacen sobre la circunferencia unitaria resaltada en la figura 2.22(a) en función del ángulo de inclinación respecto el origen, como puede observarse la distancia es máxima cuando los vectores son colineales a la dirección de mínima varianza \hat{i} y es mínima cuando los vectores son colineales a la dirección de máxima varianza \hat{j} .

$$d(\hat{s}_1, \hat{s}_2) = \sqrt{(\hat{s}_1 - \hat{s}_2)^T \mathbf{R}_s^{-1} (\hat{s}_1 - \hat{s}_2)} \quad (2.33)$$

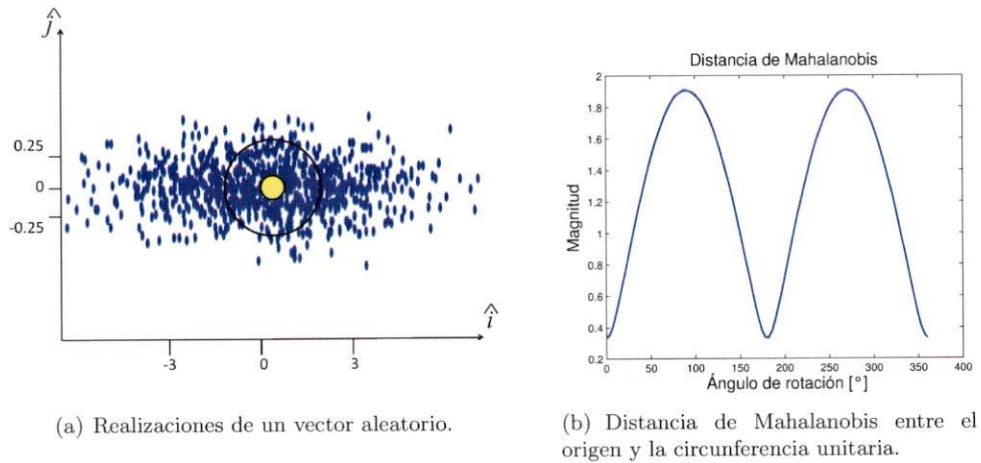


Figura 2.22: A diferencia de la distancia euclidiana que considera los vectores como elementos aislados, la distancia de Mahalanobis considera la varianza de la población de vectores.

$$R_{xe} = \begin{bmatrix} 9 & 0 \\ 0 & \frac{1}{4} \end{bmatrix} \quad (2.34)$$

En el contexto de los potenciales evocados tratados en este trabajo la similitud entre el PEALM obtenido por selección empírica de épocas (s_1) y el PEALM obtenido a través del algoritmo genético (s_2) se valora a través de la distancia de Mahalanobis entre ambos vectores donde la matriz de covarianza de las señales se calcula a partir de versiones mutadas del vector s_1 .

La idea de estimar la matriz de covarianza a partir de mutaciones del vector s_1 proviene de la imposibilidad de determinar exhaustivamente el conjunto de $2^M - 1$ promedios que conforman el cluster completo, para sortear esta dificultad se determina un subconjunto de vectores que comparten genes y por lo tanto características morfológicas con s_1 y de esta forma la matriz de covarianza es estimada a partir de elementos semejantes al potencial evocado determinado por la selección empírica de épocas.

Esta idea se ilustra en la figura 2.23(a) donde el cromosoma de s_1 (resaltado en amarillo) es modificado gradualmente, de esta forma la distancia entre s_1 y s_2 considera analíticamente el nivel de variación morfológica entre ambos vectores.

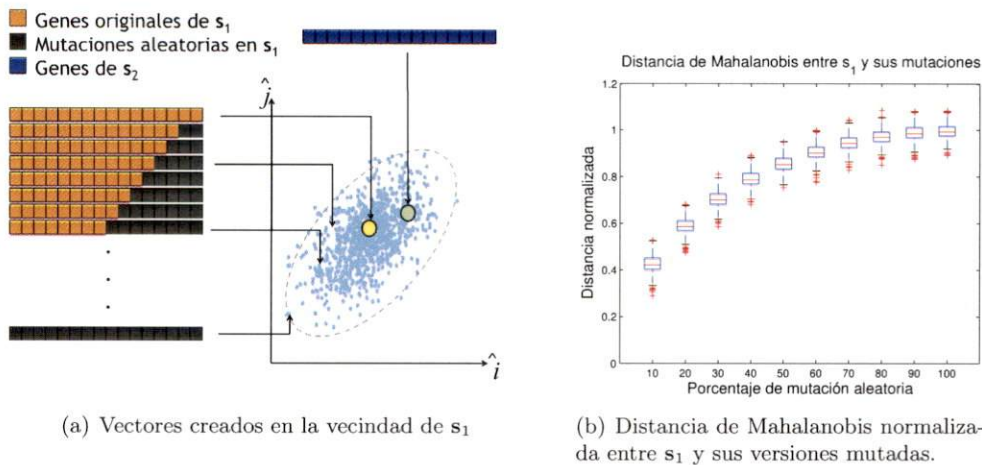


Figura 2.23: Para medir la semejanza entre dos PEALM mediante la distancia de Mahalanobis se crea un cúmulo de vectores mutados alrededor de los vectores de interés de forma que es posible estimar la matriz de covarianza y normalizar la medición.

La mutación del vector s_1 tiene lugar negando genes aleatorios en proporción creciente de 0 a 100 %, de esta forma la población de vectores que se utilizan para calcular la matriz de covarianza contiene elementos *muy similares* y *muy distintos* al vector de referencia. Considerando que el nivel de variación entre los vectores puede ser distinto entre los registros debido al nivel de ruido y al estado de sueño del sujeto, en este trabajo se normaliza la distancia respecto a la magnitud máxima obtenida al mutar el 100 % de los cromosomas de s_1 , de esta forma $d(\hat{s}_1, \hat{s}_2) = 0$ corresponde a señales idénticas y $d(\hat{s}_1, \hat{s}_2) = 1$ corresponde a señales máximamente distintas.

En la figura 2.23(b) se muestra la gráfica de la distancia de Mahalanobis entre el vector de referencia s_1 y los vectores creados en su vecindad en función del porcentaje de mutación, para cada porcentaje de mutación se muestra la gráfica de caja de la distancia para 1,000 mutaciones distintas.

2.4.2. Suma cuadrática de residuos

La suma cuadrática de residuos (SCR) dada por la ecuación 2.35 es una cantidad que valora la discrepancia entre los datos de una muestra y el modelo ajustado a ellos. Nótese que en este contexto la suma cuadrática de residuos es equivalente a la potencia del ruido residual y al cuadrado de la distancia euclidiana entre las señales.

$$SCR = \sum_{i=0}^{N-1} (\hat{s}_{1i} - \hat{s}_{2i})^2 \quad (2.35)$$

2.4.3. Consistencia de selección

La consistencia entre la selección mediante el algoritmo y la selección empírica puede describirse a través de una matriz de confusión que contabiliza las coincidencias entre ambos tipos de selección (tabla 2.3). Esta matriz contiene la siguiente información:

Verdaderos positivos (VP) Cantidad de épocas que fueron seleccionadas tanto por el especialista como por por el algoritmo genético.

Verdaderos negativos (VN) Cantidad de épocas que fueron descartadas tanto por el especialista como por por el algoritmo genético.

Falsos positivos (FP) Cantidad de épocas que fueron seleccionadas por el algoritmo genético pero descartadas por el especialista.

Falsos negativos (FN) Cantidad de épocas que fueron descartadas por el algoritmo genético pero seleccionadas por el especialista.

	V	F
P	<i>VP</i>	<i>FP</i>
N	<i>VN</i>	<i>FN</i>

Tabla 2.3: Matriz de Confusión

De esta matriz se desprende la medición de la certeza de clasificación dada por la ecuación 2.36.

$$C = \frac{VP + FP}{VP + FP + FP + FN} \quad (2.36)$$

2.4.4. Selección de parámetros

En la sección 2.2 se mencionó que las funciones de calidad dependen de parámetros cuya elección altera las características del potencial evocado resultante, estos parámetros pueden ser elegidos con base en el conocimiento de la fisiología de los PEALM que como se mencionó en la sección 1.2.1 se presentan con una amplitud de aproximadamente $0.5\mu V$ entre los 10 y 75 ms posteriores a la presentación del estímulo y tienen un ancho de banda por debajo de los 300Hz.

Con la finalidad de identificar parámetros óptimos para las funciones de calidad se realiza la evaluación de un conjunto de parámetros que son consistentes con la fisiología de los PEALM, para tal efecto se ejecuta el algoritmo genético sobre un conjunto de registros de prueba (concretamente A2 ipsilateral a 0, 10, 20, 30 y 40 dB_{HL} a 500, 1000, 2000 y 3000 Hz) con la combinación de los parámetros indicados en las tablas 2.4 y 2.5, de esta forma es posible obtener superficies similares a las mostradas en la figura 2.24 que describen el comportamiento de las métricas de similitud en función de la selección de parámetros. Con esta información es posible identificar los parámetros para los cuales la Distancia de Mahalanobis (DM) y la Suma cuadrática de residuos (SCR) entre los PEALM obtenidos por selección empírica y los PEALM obtenidos por el algoritmo genético (promedio óptimo y reconstrucción por iDKLT) es mínima así como los parámetros para los cuales la certeza de clasificación es máxima.

Parámetros función de costo FSP			
Parámetro	Mínimo [ms]	Δt [ms]	Máximo [ms]
Tiempo T1	25	2	35
Tiempo Tsp	35	2	45
Tiempo T2	35	2	45

Tabla 2.4: Parámetros función FSP.

Parámetros función de costo OEC y OEV			
Parámetro	Mínimo	Δ	Máximo
Borde espectral [Hz]	60	10	100, 150
Fracción de energía	0.50	0.10	0.90, 0.99

Tabla 2.5: Parámetros OEV y OEC.

En el ejemplo de la figura 2.24 las gráficas corresponden a la función de costo Ordenamiento Espectral por Varianza y fueron construidas evaluando las métricas DM y SCR de los PEALM resultantes de aplicar el algoritmo genético sobre los registros de prueba. Cada punto de la superficie representa la mediana de las métricas de similitud de los 20 registros analizados sin separar intensidades y/o frecuencias. En la sección de resultados se describen detalladamente los puntos óptimos de las superficies para cada métrica de similitud considerando la totalidad de los registros de prueba así como el análisis por intensidad y frecuencia de estimulación.

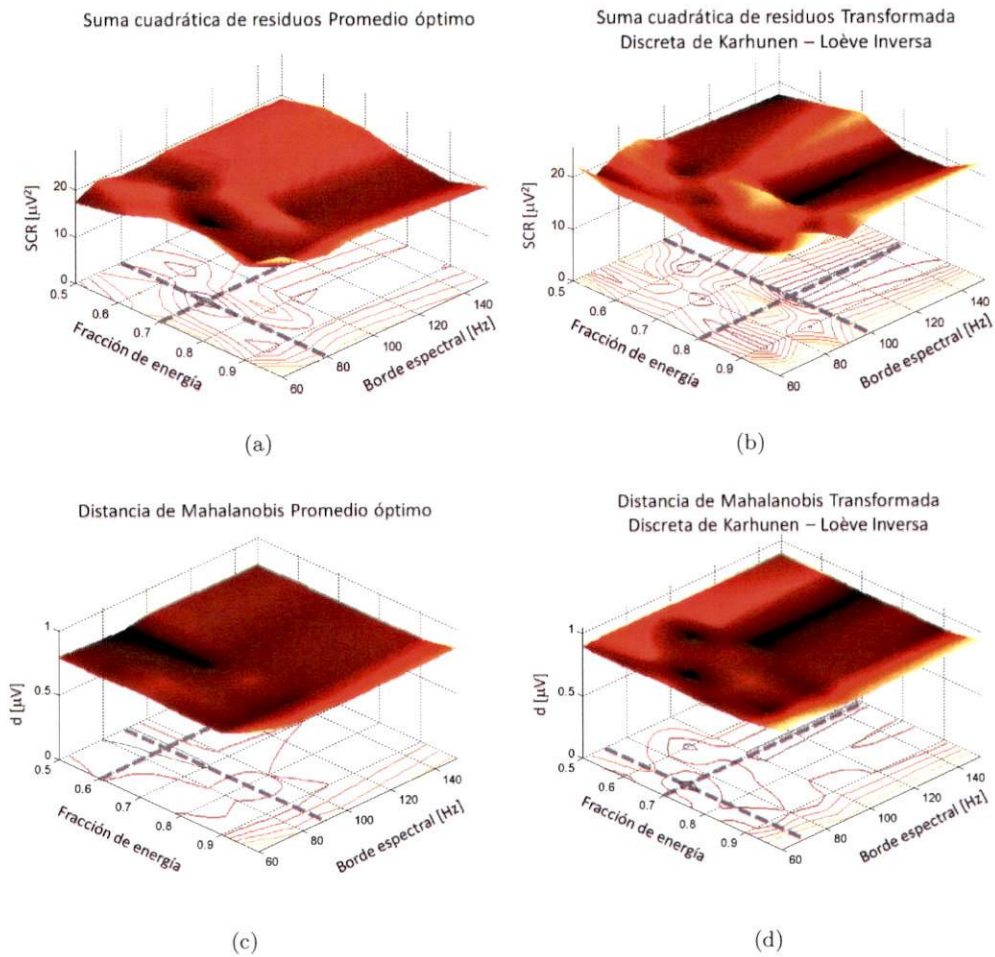


Figura 2.24: La combinación óptima de los parámetros de fracción de energía y borde espectral de las funciones de calidad de ordenamiento espectral por varianza y cociente está dada por el punto mínimo de las superficies de suma cuadrática de residuos y Distancia de Mahalanobis.

Selección de parámetros para el algoritmo genético

La relación entre las características fisiológicas de los PEALM y los parámetros del algoritmo genético resulta poco clara y en términos de aplicaciones generales estos parámetros suelen ser elegidos de forma empírica [23]. En este trabajo se considera que los parámetros indicados en la tabla 2.6 generan resultados aceptables y son utilizados en forma arbitraria.

Parámetros algoritmo genético	
Número de iteraciones	500
Número de cromosomas	100
Épocas codificadas por gen	1
Número de cromosomas elitistas	10
Probabilidad de cruce	0.95
Probabilidad de mutación	0.20

Tabla 2.6: Parámetros fijos del algoritmo genético.

Capítulo 3

Resultados

3.1. Selección de parámetros

3.1.1. Análisis general

Las tablas 3.1, 3.2 y 3.3 muestran los parámetros que representan el punto mínimo de las superficies de cada métrica de semejanza y el punto máximo de la certeza de clasificación. Por otra parte la figura 3.1 muestra la comparación de DM, SCR y certeza de clasificación para las tres funciones de calidad para los PEALM obtenidos por promedio óptimo (PO) e iDKLT.

Tal como se mencionó en la sección 2.4.4, se analizó una muestra de prueba constituida por los registros A2 ipsilateral a 0, 10, 20, 30 y 40 dB_{HL} a 500, 1000, 2000 y 3000 Hz y cada punto de las superficies representa la mediana de la métrica de semejanza en cuestión. Como puede observarse en la figura 3.1 la función que de forma consistente ofrece mejores resultados en términos de estas métricas es la función de Ordenamiento Espectral por Varianza seguida por Ordenamiento Espectral por Cociente y en último lugar se tiene la función FSP.

Como era de esperarse los puntos óptimos bajo cada medida de similitud son distintos entre sí y resultaría impráctico realizar un análisis detallado para cada caso. Es por esta razón que se toma como parámetro óptimo a la mediana de los valores encontrados para cada superficie, estos valores se enlistan en la tabla 3.4.

En todos los casos la certeza de clasificación respecto a la selección empírica oscila alrededor de 0.5 y este resultado indica que el algoritmo no constituye una herramienta efectiva en la identificación de las épocas seleccionadas por el especialista clínico, sin embargo la figura 3.2 muestra que el algoritmo obtiene resultados cuya semejanza es consistente en distintas ejecuciones del algoritmo genético. En esta figura cada caja representa la consistencia del error relativo entre la semejanza de diez ejecuciones del algoritmo respecto a una ejecución pivote para el conjunto de registros mencionado previamente. Nótese que diez ejecuciones sobre los 20 registros equivalen a 200 elementos por caja.

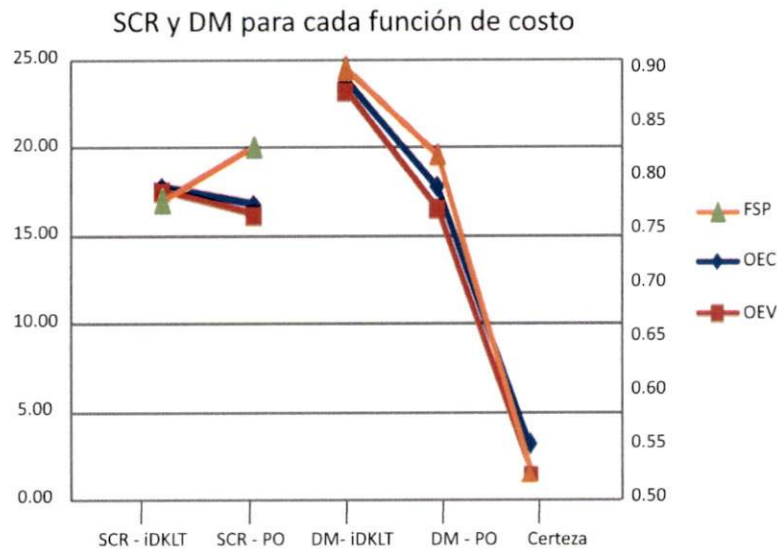


Figura 3.1: Los PEALM obtenidos mediante utilizando la función de calidad de Ordenamiento Espectral por Varianza exhiben la menor distancia de Mahalanobis y la menor suma cuadrática de residuos respecto a los PEALM obtenidos mediante la intermediación de épocas por parte de un especialista.

Métrica / Frecuencia	Análisis general			
	T ₁	T _{SP}	T ₂	Opt
SRC entre DKLT inversa y promedio empírico	25	37	39	16.87
SRC entre promedio optimizado y promedio empírico	33	37	39	20.04
Distancia de Mahalanobis normalizada entre iDKLT inversa y promedio empírico	25	29	35	0.90
Distancia de Mahalanobis normalizada entre promedio optimizado y promedio empírico	27	37	45	0.82
Certeza de clasificación	33	35	45	0.53

Tabla 3.1: Tiempos t_1 , t_{SP} y t_3 óptimos para la función de costo FSP.

Métrica / Frecuencia	Análisis general		
	%E	BE	Opt
SRC entre DKLT inversa y promedio empírico	0.60	80	17.71
SRC entre promedio optimizado y promedio empírico	0.60	100	16.72
Distancia de Mahalanobis normalizada entre iDKLT inversa y promedio empírico	0.90	150	0.89
Distancia de Mahalanobis normalizada entre promedio optimizado y promedio empírico	0.60	70	0.79
Certeza de clasificación	0.80	150	0.55

Tabla 3.2: Fracción de energía (%E) y Borde espectral (BE) óptimos para la función de costo Ordenamiento Espectral por Cociente.

Métrica / Frecuencia	Análisis general		
	%E	BE	Opt
SRC entre DKLT inversa y promedio empírico	0.95	60	17.51
SRC entre promedio optimizado y promedio empírico	0.99	60	16.14
Distancia de Mahalanobis normalizada entre iDKLT inversa y promedio empírico	0.95	70	0.88
Distancia de Mahalanobis normalizada entre promedio optimizado y promedio empírico	0.95	60	0.77
Certeza de clasificación	0.90	150	0.53

Tabla 3.3: Fracción de energía (%E) y Borde espectral (BE) óptimos para la función de costo Ordenamiento Espectral por Varianza.

Función de calidad / Mediana de parámetros	t_1	t_{sp}	t_2	%E	BE
FSP	26	27	39	-	-
Ordenamiento Espectral por Cociente	-	-	-	0.60	90
Ordenamiento Espectral por Varianza	-	-	-	0.95	60

Tabla 3.4: Mediana de los puntos óptimos para cada función de calidad. Los parámetros de la función FSP están en unidades de ms y BE en unidades de Hz.

La figura 3.2 muestra que para los potenciales evocados obtenidos por promedio de épocas y por la Transformada Inversa de Karhunen - Loève (iDKLT) la consistencia bajo la métrica de SCR es superior al 70% para cerca de tres cuartiles de la distribución, por otra parte la consistencia bajo la métrica DM es superior al 85% para cerca de tres cuartiles de la distribución. Este resultado indica que pese a que el algoritmo no constituye una herramienta efectiva para realizar la selección de épocas como un especialista clínico lo haría, sí representa una herramienta que en forma consistente

permite identificar subconjuntos de épocas que contienen información relevante para la obtención de potenciales evocados.

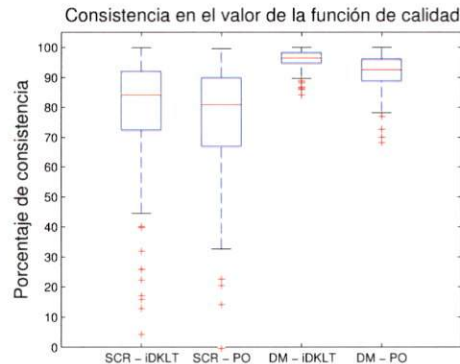


Figura 3.2: Al ejecutar varias veces el algoritmo genético se observa que la calidad de las señales obtenidas es consistente ejecución tras ejecución. En la gráfica se muestra la consistencia de las distintas métricas de calidad para 10 ejecuciones del algoritmo sobre 20 registros distintos.

3.1.2. Análisis por intensidad y frecuencia de estimulación

El análisis de la variación de los parámetros óptimos en función de la intensidad y frecuencia de estimulación mostrado en el apéndice D sugiere que los parámetros óptimos varían de forma similar entre las distintas métricas de semejanza pero no es posible identificar una dependencia clara. Por esta razón se considera pertinente determinar los parámetros óptimos para cada función de calidad a partir de la mediana de los resultados globales sin considerar los atributos del estímulo presentado al paciente.

3.2. Procesamiento de registros utilizando los parámetros óptimos

Habiendo determinado los parámetros óptimos para cada función de costo y dentro del marco de prueba de concepto al que obedece este trabajo, se ejecutó el algoritmo genético sobre registros obtenidos de un voluntario normoyente y un voluntario con hipoacusia severa. Los resultados de aplicar el algoritmo genético sobre los registros se reportan para

las intensidades de 0 a 40dB_{HL} en incrementos de 10dB_{HL} a las frecuencias de 500, 1000, 2000 y 3000Hz para los registros ipsilateral derechos.

3.2.1. Optimización de la SNR utilizando ordenamiento espectral por varianza

En las figuras 3.3(a) y 3.3(b) se muestran detalladamente los resultados de aplicar el algoritmo genético sobre el potencial evocado obtenido a 500Hz, 20dB_{HL} . En esta figura puede observarse que al igual que el promedio de las épocas seleccionadas por el especialista clínico, el promedio de las épocas seleccionadas por el algoritmo genético y la señal reconstruida mediante la Transformada Inversa de Karhunen - Loève permiten identificar fácilmente el pico P_a . En contraste la figura 3.3(c) muestra que el registro obtenido mediante el promedio de épocas seleccionadas aleatoriamente favorece muy poco la identificación del pico de interés.

Por otra parte la figura 3.4 muestra la comparación del espectro de eigenvalores y eigenvectores para los conjuntos de épocas seleccionados bajo ambos esquemas. En esta figura se observa que la aplicación del algoritmo facilita la separación de los subespacios de señal y ruido al optimizar la diferencia en magnitud entre los eigenvalores principales y secundarios y al mismo tiempo favorece la morfología del PEALM resultante al colocar los eigenvectores cuyo contenido espectral es consistente con las señales de interés dentro de la región de componentes principales. Nótese que en este registro la dimensión del subespacio de señal puede identificarse visualmente como $P = 2$ (dimensión que coincide al aplicar el criterio de Akaike) o utilizando un criterio conservador puede identificarse como $P = 6$.

La figura 3.5 muestra el resultado de aplicar el algoritmo genético con la función de Ordenamiento Espectral por Varianza sobre los registros a las intensidades y frecuencias de estimulación mencionadas. En la figura se observa que el pico P_a puede ser fácilmente identificado en todos los registros salvo a 0dB_{HL} , 500 Hz y 10dB_{HL} , 2000 Hz.

Por otra parte en la tabla 3.5 se muestran el mínimo, la mediana y el máximo de las medidas de semejanza entre las señales obtenidas por selección empírica y las señales obtenidas mediante el algoritmo genético, la cantidad de épocas utilizadas en cada promedio, valor final de la función de calidad (en su versión ponderada y no ponderada por la envolvente Gaussiana) y el tiempo de ejecución del algoritmo.

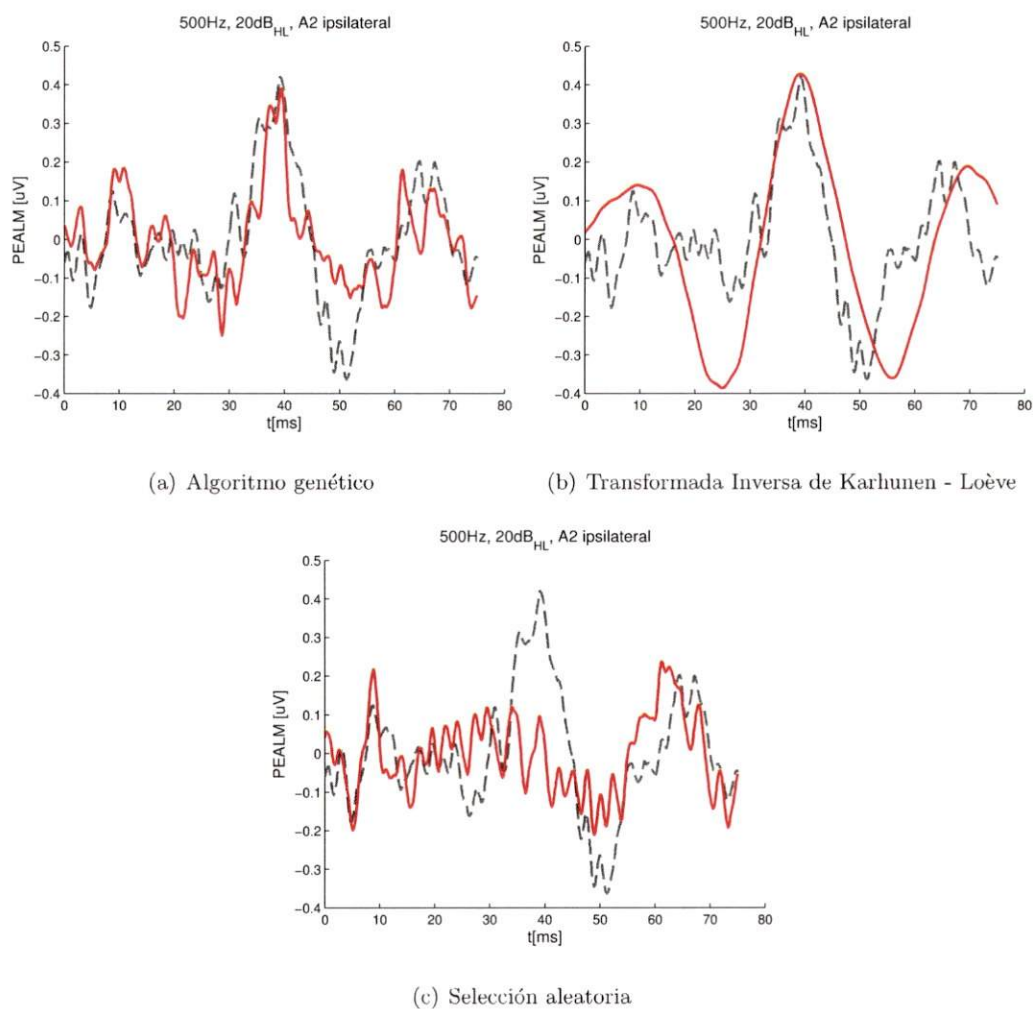


Figura 3.3: Comparación de resultados al procesar el registro CR_500_20_D_2.eeg mediante el algoritmo genético (línea roja) y selección empírica (línea gris). La promediación de las épocas seleccionadas por el algoritmo genético y la iDKLT generan una señal morfológicamente similar a la que se obtiene mediante la selección de épocas por parte de un especialista. En contraste la selección aleatoria de épocas arroja una señal con características morfológicas propias de ruido.

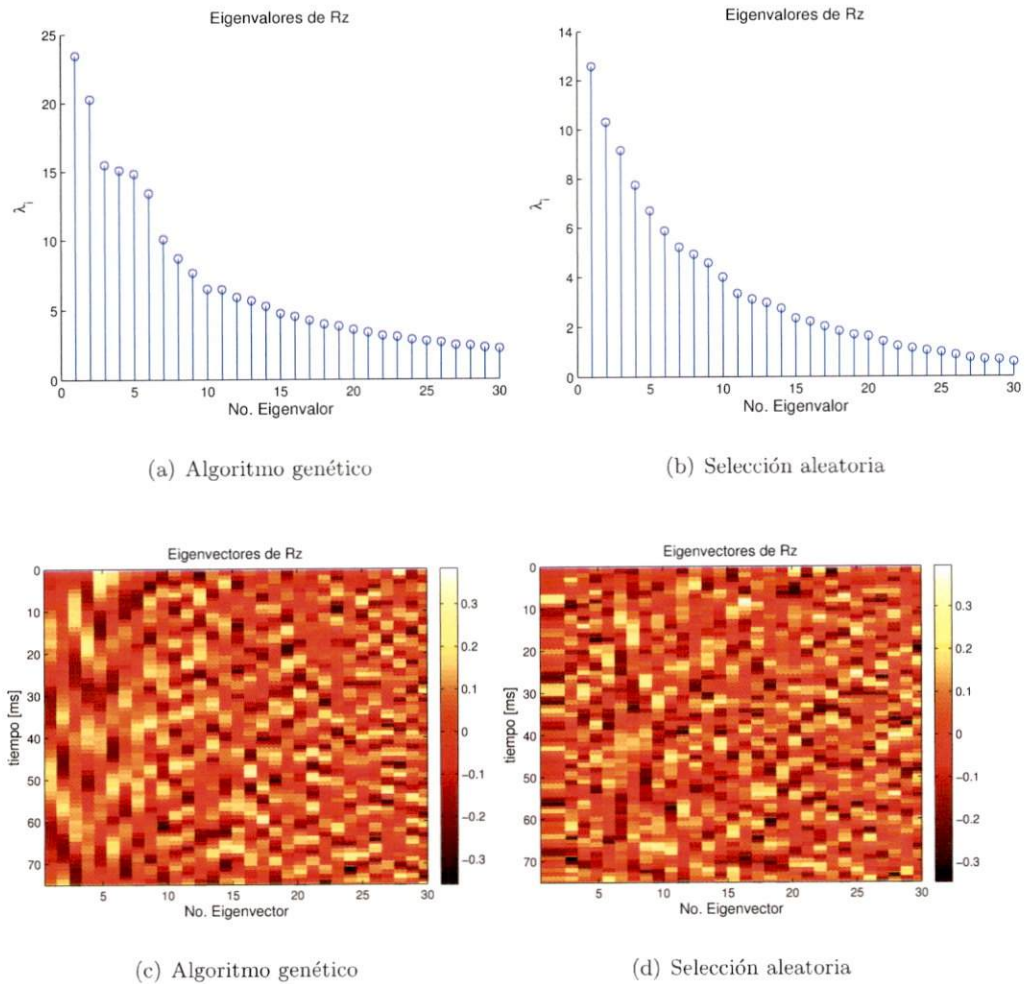


Figura 3.4: Comparación de eigenvalores y eigenvectores de la matriz de autocorrelación al procesar el registro CR_500_20_D_2.eeg mediante el algoritmo genético y la función de calidad de Ordenamiento Espectral por Varianza. La aplicación del algoritmo genético promueve la ubicación de los eigenvectores espectralmente compatibles con los PEALM en la región de componentes principales.

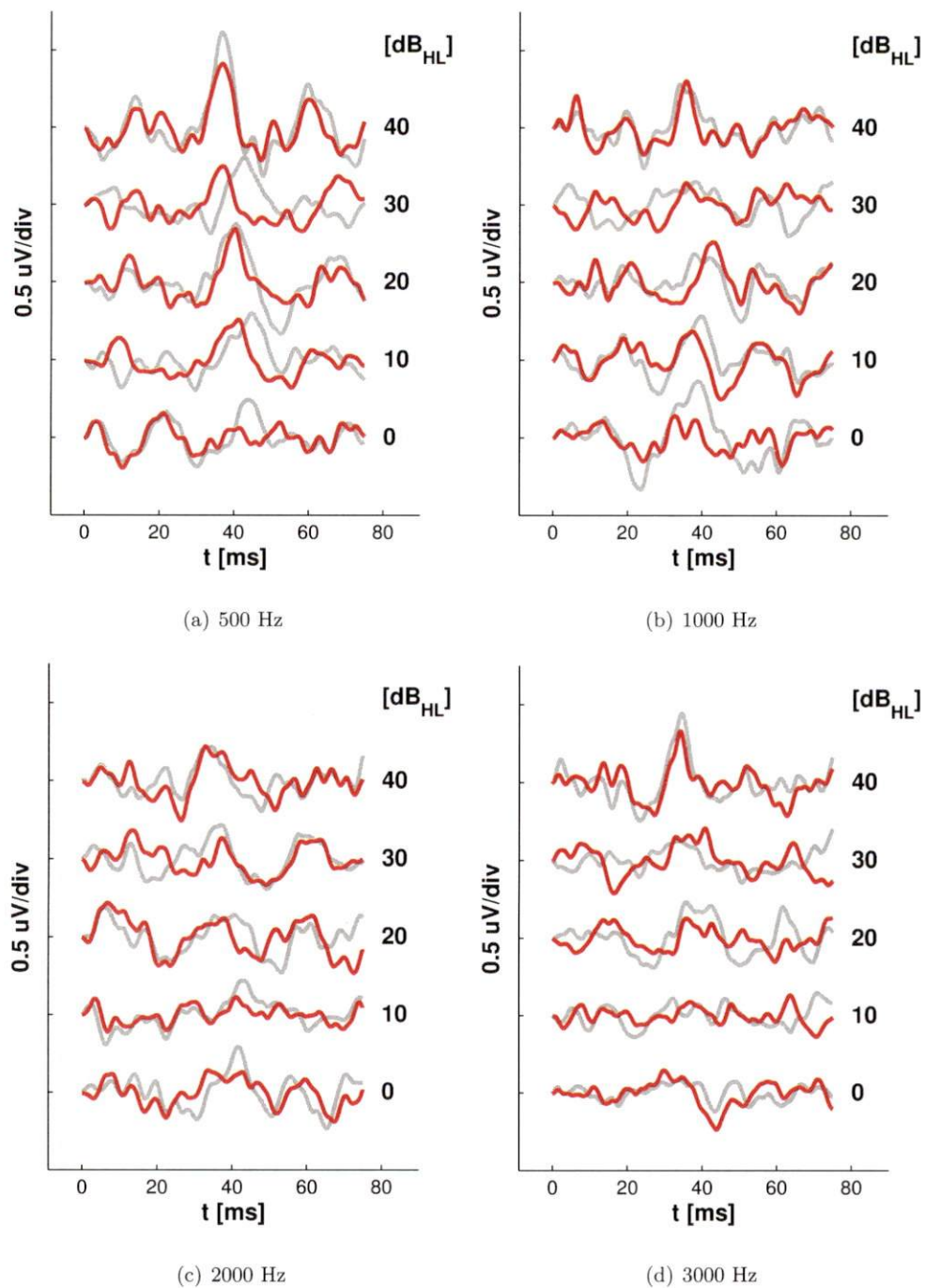


Figura 3.5: Comparación visual de los PEALM obtenidos aplicando la función de costo Ordenamiento Espectral por Varianza (rojo) y los PEALM obtenidos mediante selección empírica de épocas (gris). La aplicación del algoritmo genético permite obtener señales morfológicamente similares a las obtenidas a partir de la selección de épocas por parte de un especialista.

3.2.2. Optimización de la SNR utilizando la función de calidad de ordenamiento espectral por cociente

En las figuras 3.6(a) y 3.6(b) se muestran detalladamente los resultados de aplicar el algoritmo genético sobre el potencial evocado obtenido a 3000Hz, 30dB_{HL}. En esta figura puede observarse que al igual que en el ejemplo anterior, la aplicación del algoritmo genético favorece la apreciación del pico P_a ya sea a través del promedio de épocas o a través de la Transformada Inversa de Karhunen - Loève. En contraste la selección aleatoria de épocas (figura 3.6(c)) resulta ampliamente desfavorable para distinguir el pico P_a .

Por otra parte en la figura 3.7 se observa que la aplicación del algoritmo facilita la separación de los subespacios de señal y ruido así como la colocación de eigenvectores con características espectrales consistentes con la de los PEALM dentro de la región de eigenvectores principales. Al igual que en el caso de la función Ordenamiento Espectral por varianza, la aplicación de esta función de calidad permite determinar por inspección y a través del criterio de Akaike que la dimensión del subespacio de señal corresponde a $P = 2$.

La figura 3.8 muestra el resultado de aplicar el algoritmo genético con la función de Ordenamiento Espectral por Cociente sobre los registros a las intensidades y frecuencias de estimulación mencionadas. En la figura se observa que el pico P_a puede ser fácilmente identificado en todos los registros salvo a 0 dB_{HL}, 2000 Hz; por otra parte en la tabla 3.5 se muestran el mínimo, la mediana y el máximo de algunas cantidades de interés como son las medidas de semejanza entre las señales obtenidas por selección empírica y las señales obtenidas mediante el algoritmo genético, la cantidad de épocas utilizadas en cada promedio, el valor final de la función de calidad (en su versión ponderada y no ponderada por la envolvente Gaussiana) y el tiempo de ejecución del algoritmo.

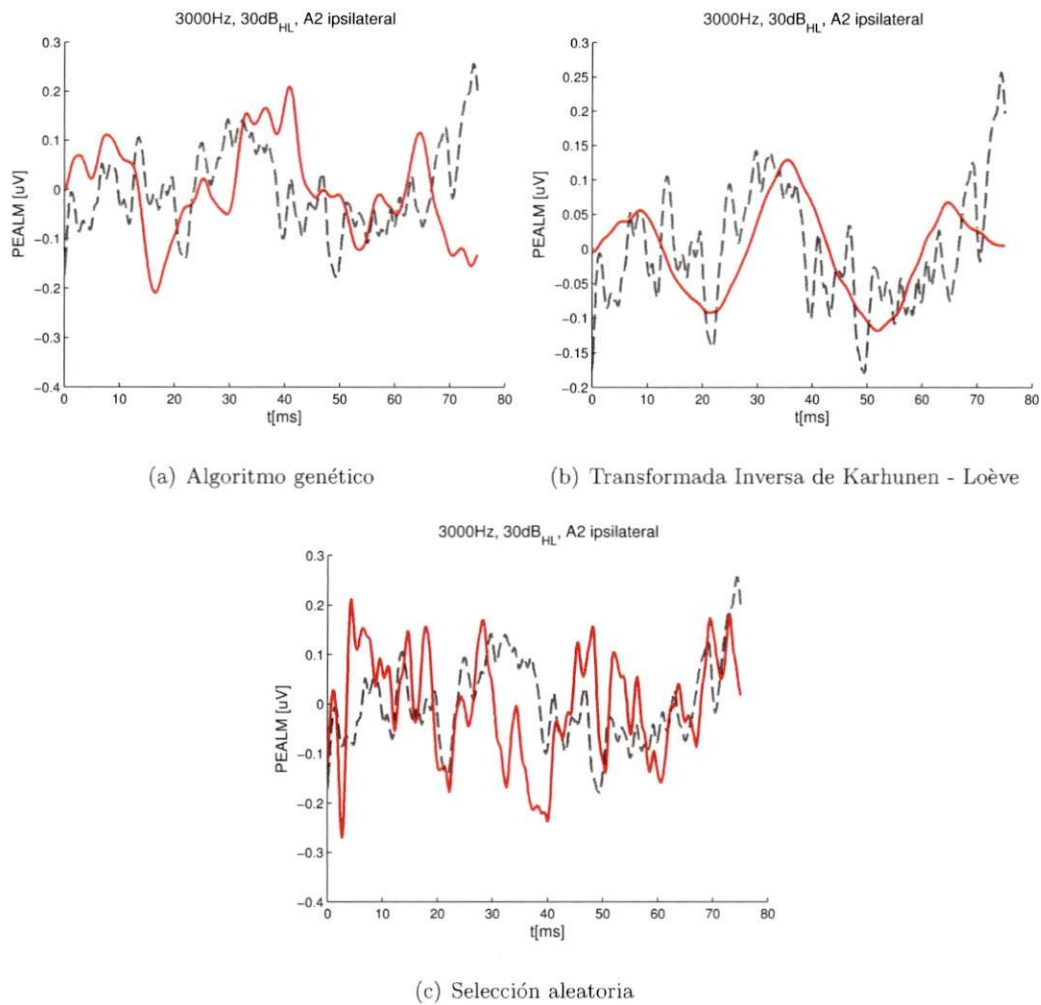


Figura 3.6: Comparación de resultados al procesar el registro CR_3000_30.D_2.eeg mediante el algoritmo genético con la función de calidad Ordenamiento Espectral por Cociente (línea roja) y selección empírica (línea gris). La promediación de las épocas seleccionadas por el algoritmo genético y la iDKLT generan una señal morfológicamente similar a la que se obtiene mediante la selección de épocas por parte de un especialista. En contraste la selección aleatoria de épocas arroja una señal con características morfológicas propias de ruido.

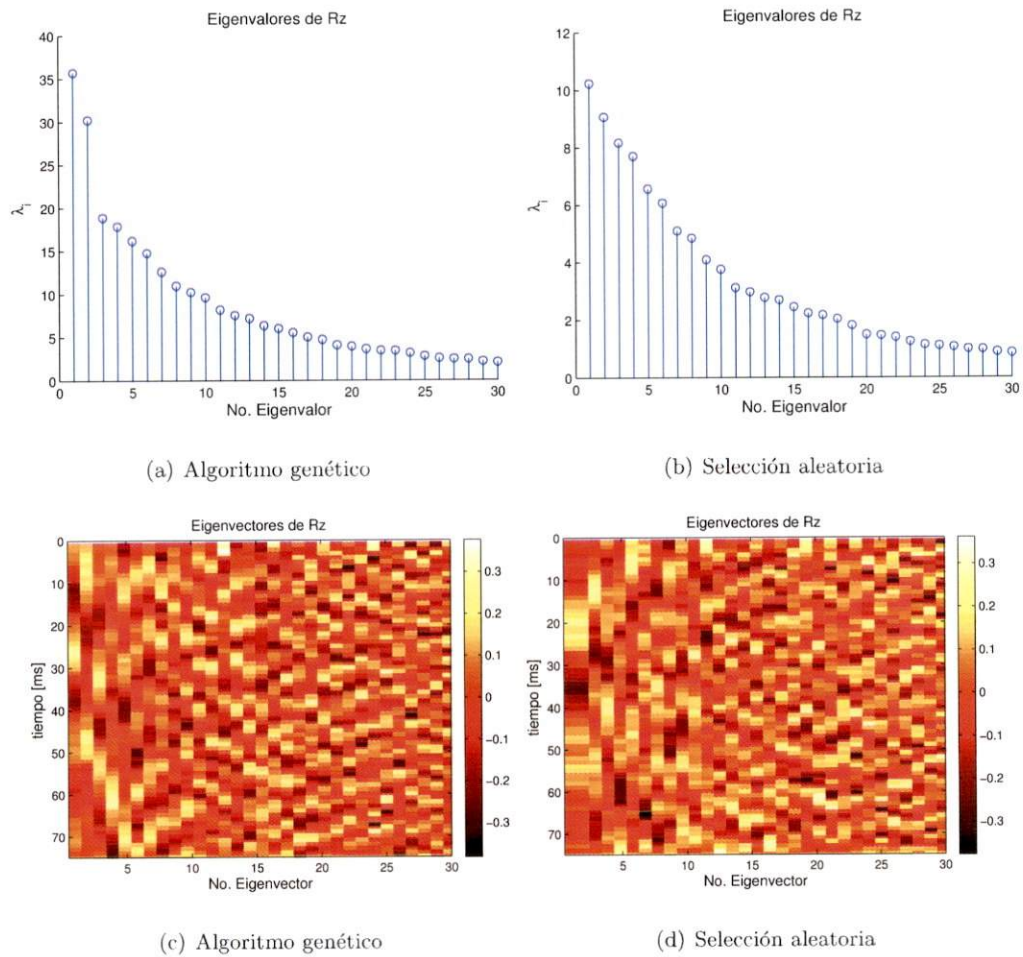


Figura 3.7: Comparación de eigenvalores y eigenvectores de la matriz de autocorrelación al procesar el registro CR_3000_30_D_2.eeg mediante el algoritmo genético y la función de calidad Ordenamiento Espectral por Cociente. La aplicación del algoritmo genético promueve la ubicación de los eigenvectores espectralmente compatibles con los PEALM en la región de componentes principales.

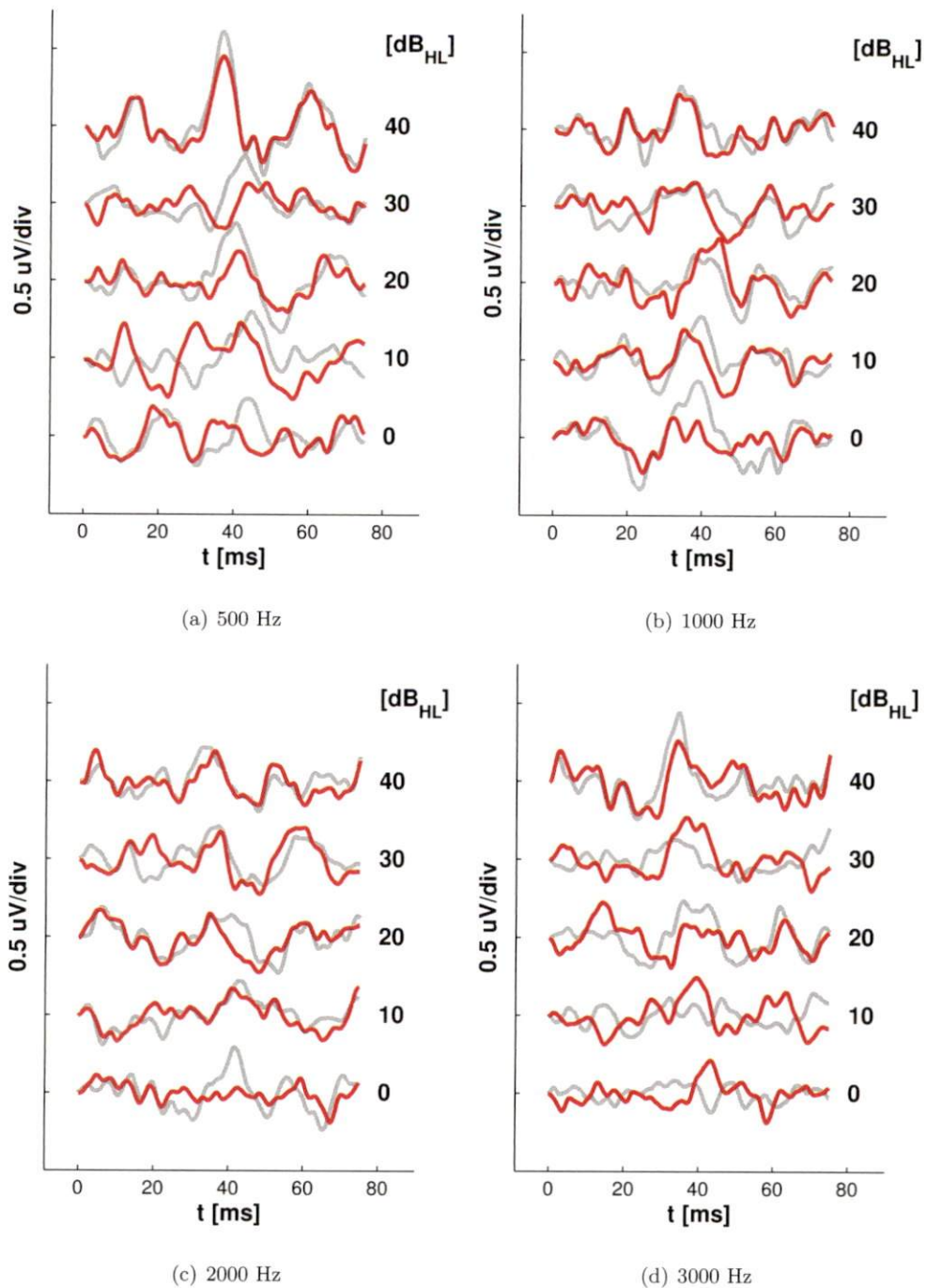


Figura 3.8: Comparación visual de los PEALM obtenidos aplicando la función de costo Ordenamiento Espectral por Cociente (rojo) y los PEALM obtenidos mediante selección empírica de épocas (gris). La aplicación del algoritmo genético permite obtener señales morfológicamente similares a las obtenidas a partir de la selección de épocas por parte de un especialista.

3.2.3. Optimización de la SNR utilizando la función de calidad FSP

La figura 3.9 muestra el resultado de aplicar el algoritmo genético con la función FSP sobre los registros a las intensidades y frecuencias de estimulación mencionadas. En la figura se observa que el pico P_a puede ser fácilmente identificado en todos los registros salvo a 10 dB_{HL}, 500 Hz.

Por otra parte, en la tabla 3.5 se muestran el mínimo, la mediana y el máximo de algunas cantidades de interés como son las medidas de semejanza entre las señales obtenidas por selección empírica y las señales obtenidas mediante el algoritmo genético, la cantidad de épocas utilizadas en cada promedio, el valor final de la función de calidad (en su versión ponderada y no ponderada por la envolvente Gaussiana) y el tiempo de ejecución del algoritmo.

3.2.4. Selección aleatoria y promedio sin selección

La figura 3.10 muestra el resultado de promediar 300 épocas seleccionadas en forma aleatoria, al comparar esta figura con los resultados obtenidos mediante el algoritmo genético puede verificarse que la aplicación del algoritmo facilita notablemente la identificación del pico de interés aún bajo condiciones de estimulación poco favorables como son alta frecuencia a baja intensidad, mientras que la identificación en registros obtenidos por selección aleatoria resulta poco obvia incluso para el ojo entrenado.

De forma similar la figura 3.11 muestra los potenciales evocados obtenidos al promediar el total de las épocas disponibles de cada registro (entre 480 y 530 épocas). En este caso la utilización de una mayor cantidad de épocas facilita marginalmente la identificación del pico P_a respecto a la utilización de 300 épocas elegidas aleatoriamente.

Este resultado indica que si bien la utilización indiscriminada de un mayor número de épocas incrementa la relación señal a ruido, el algoritmo permite identificar aquellas épocas con información relevante y revelar el potencial evocado subyacente utilizando una menor cantidad de datos.

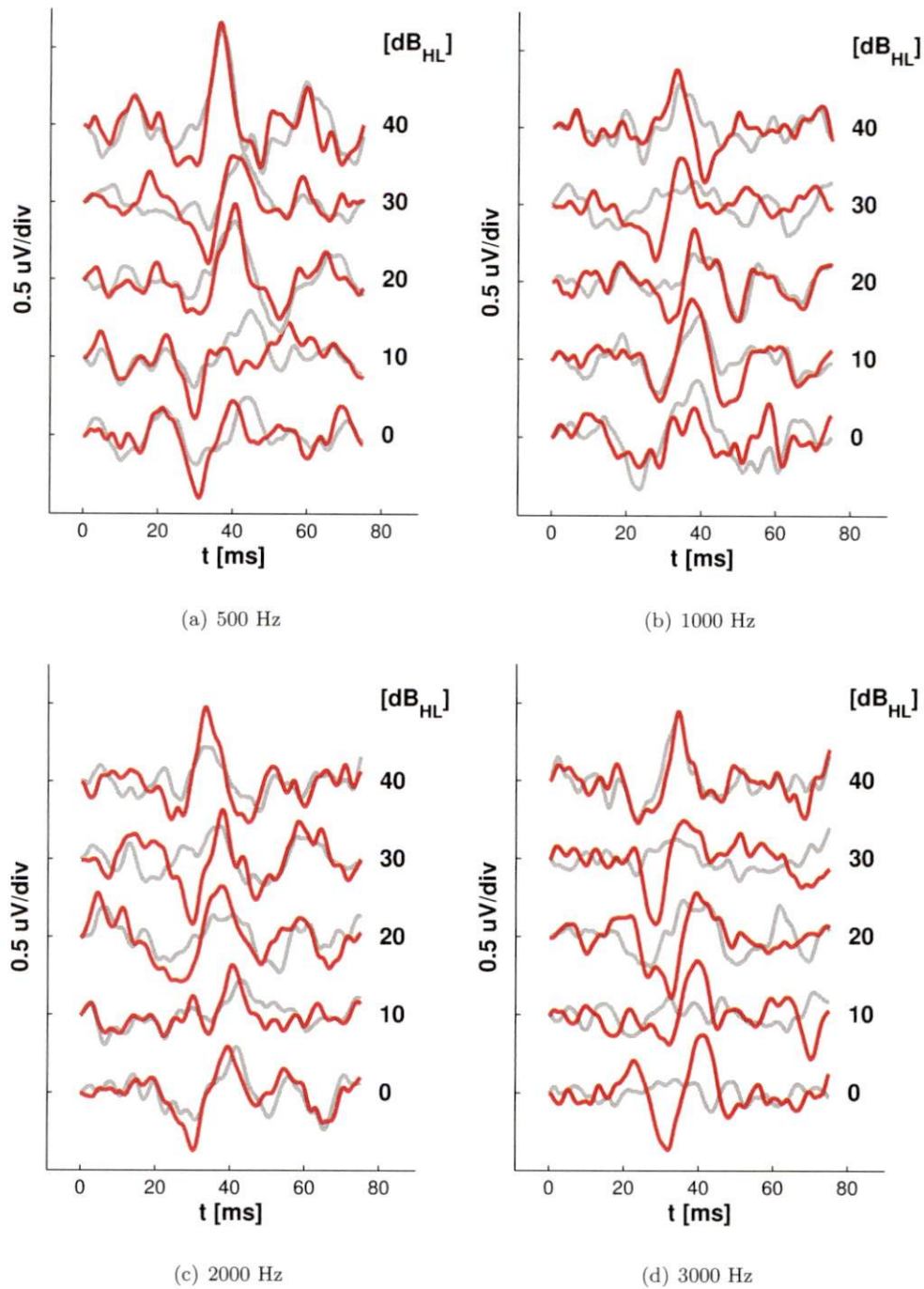


Figura 3.9: Comparación visual de los PEALM obtenidos aplicando la función de costo FSP (rojo) y los PEALM obtenidos mediante selección empírica de épocas (gris). La aplicación del algoritmo genético permite obtener señales morfológicamente similares a las obtenidas a partir de la selección de épocas por parte de un especialista.

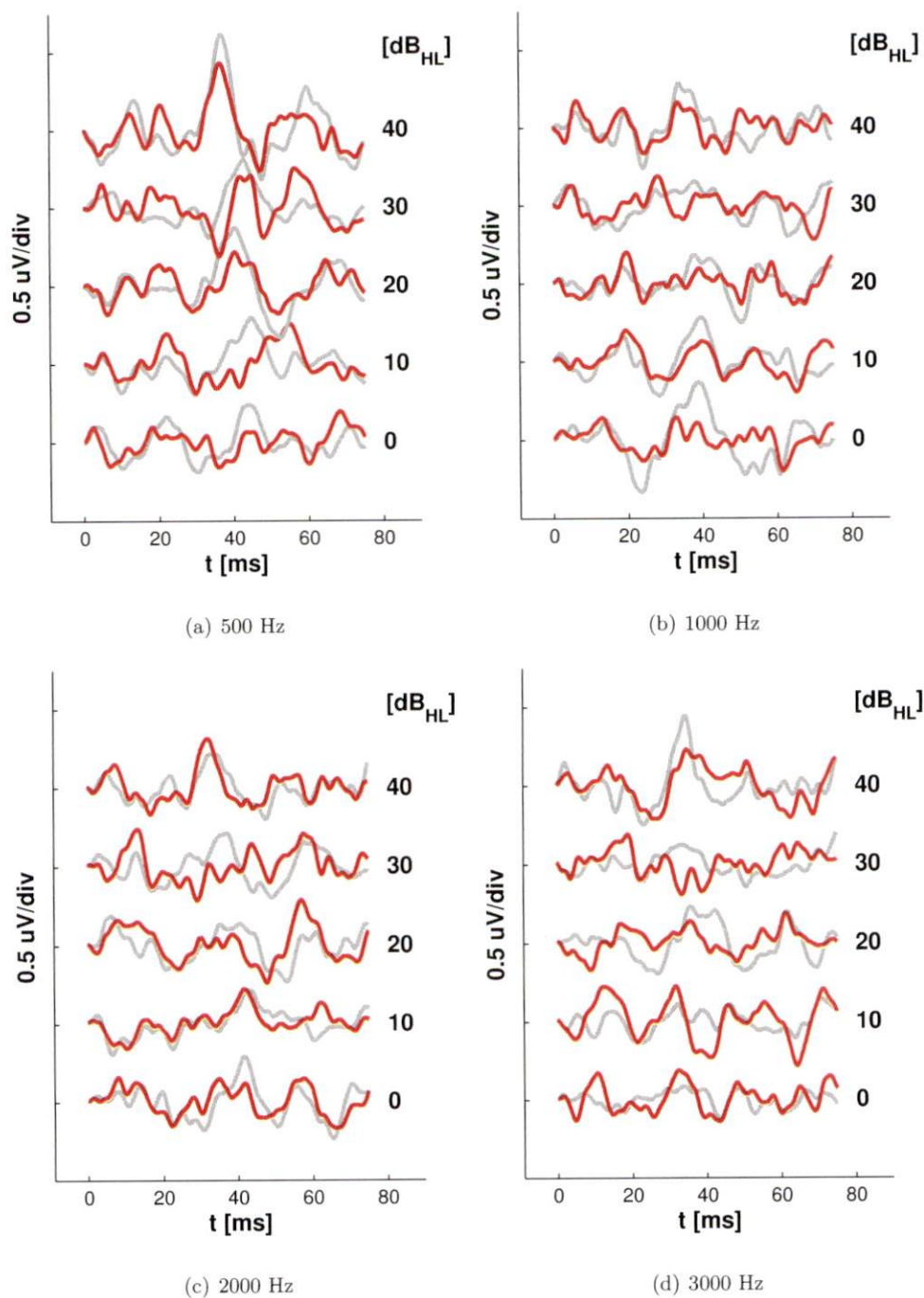


Figura 3.10: Comparación visual de los PEALM obtenidos al elegir épocas aleatoriamente (rojo) y los PEALM obtenidos mediante selección empírica de épocas (gris). La selección aleatoria de épocas permite identificar el pico de interés P_a únicamente para registros a alta intensidad y baja frecuencia de estimulación como 500Hz @ 40dB_{HL}.

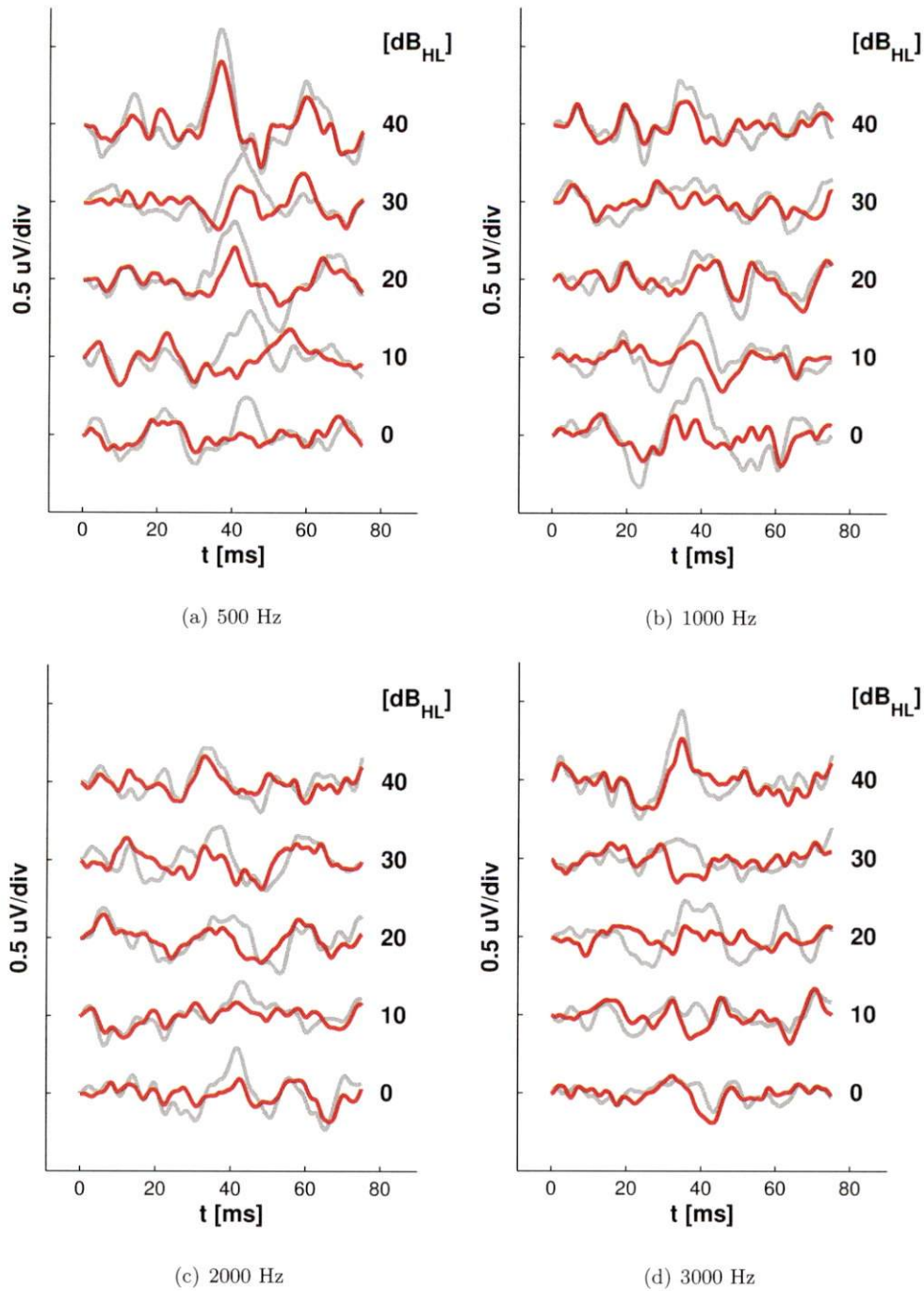


Figura 3.11: Comparación visual de los PEALM obtenidos al promediar el total de las épocas disponibles (rojo) y los PEALM obtenidos mediante selección empírica de épocas (gris). La selección aleatoria de épocas permite identificar el pico de interés P_a únicamente para registros a alta intensidad y baja frecuencia de estimulación como 500Hz @ 40dB_{HL}.

3.2.5. Procesamiento de registros sin respuesta evocada

Como parte de la prueba de concepto de la metodología propuesta es indispensable corroborar que el algoritmo y las funciones de calidad optimizan la calidad de la respuesta evocada toda vez que ésta exista. Para tal efecto se ejecutó el algoritmo genético con las tres funciones de calidad sobre los registros de un voluntario con hipoacusia severa.

Para este voluntario el protocolo de estimulación fue idéntico al descrito en el apéndice B, salvo que las frecuencias de estimulación fueron únicamente 500, 1000 y 2000Hz. Las figuras 3.12, 3.13 y 3.14 muestran los resultados de procesar los registros mencionados con las funciones de calidad Ordenamiento Espectral por Varianza, Ordenamiento Espectral por Cociente y FSP respectivamente utilizando los parámetros enlistados en la tabla 3.4.

Función de calidad / Mediana de variables	Distancia de Mahalanobis normalizada	Suma Cuadrática de Residuos [μV^2]	Valor Función de Calidad Ponderada	Valor Función de Calidad no Ponderada	Épocas utilizadas	Tiempo de ejecución [min]
Ordenamiento Espectral por Varianza	0.31	7.55	0.02	2.23	254	13.24
	0.87	16.32	0.11	13.99	295	27.30
	0.95	39.92	0.23	28.29	298	53.82
Ordenamiento Espectral por Cociente	0.42	7.87	0	0	239	11.03
	0.86	17.66	3E-4	0.95	282	15.85
	0.96	45.84	7E-3	1.82	288	39.78
FSP	0.57	9.47	0.00	1.41	297	0.02
	0.89	24.56	0.24	6.05	299	0.06
	1.01	40.41	0.50	12.71	301	0.06

Tabla 3.5: Medidas de similitud, valor final de función de calidad y tiempo de ejecución del algoritmo para cada función de calidad. En cada celda se muestran el mínimo, la mediana y el máximo de los valores obtenidos para los veinte registros analizados.

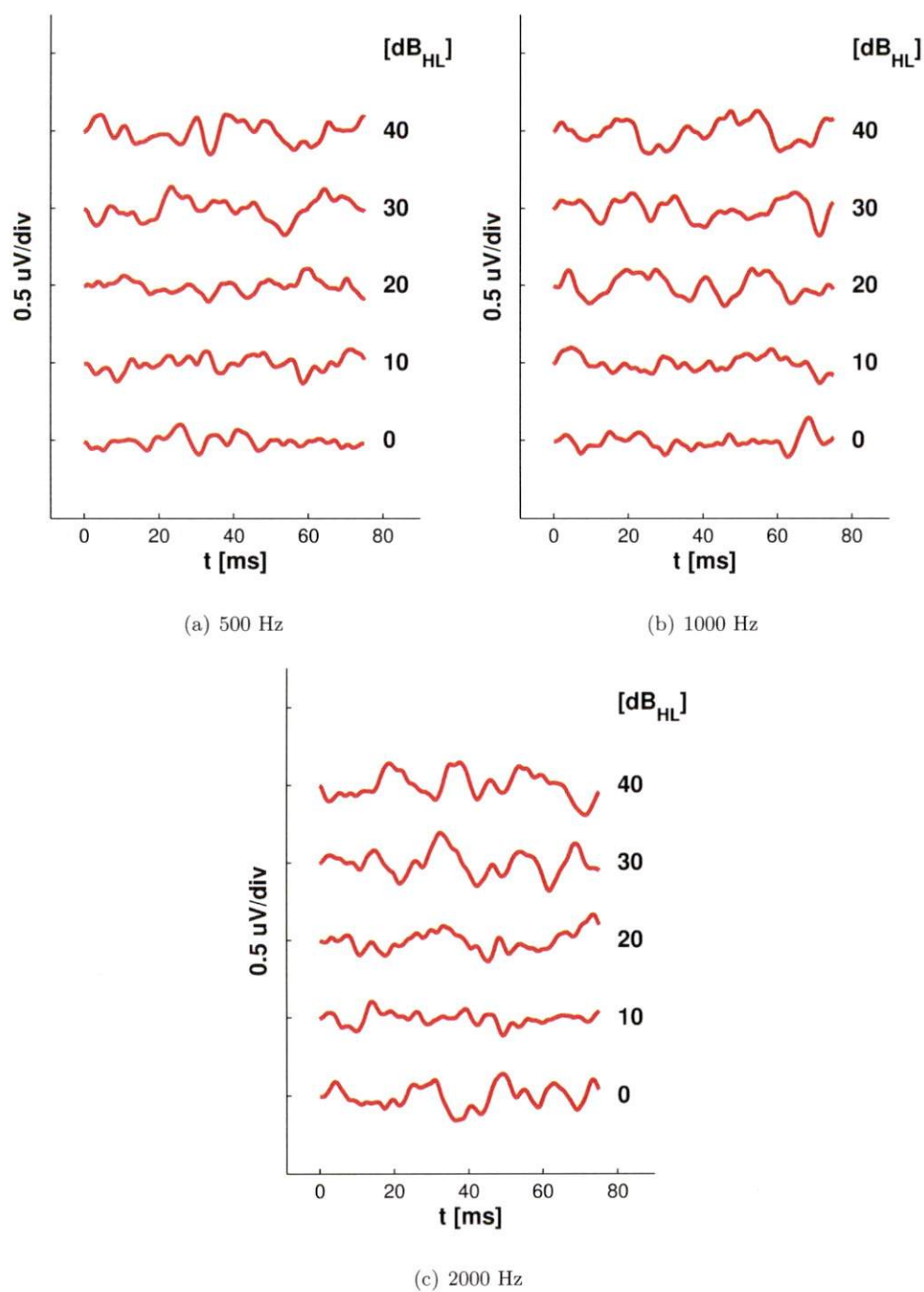


Figura 3.12: Señales obtenidas al procesar los registros de un voluntario con hipoacusia severa mediante el algoritmo genético y la función de calidad Ordenamiento Espectral por Varianza. Las gráficas muestran que la selección de épocas mediante el algoritmo genético no genera picos de actividad donde es fisiológicamente imposible que los haya.

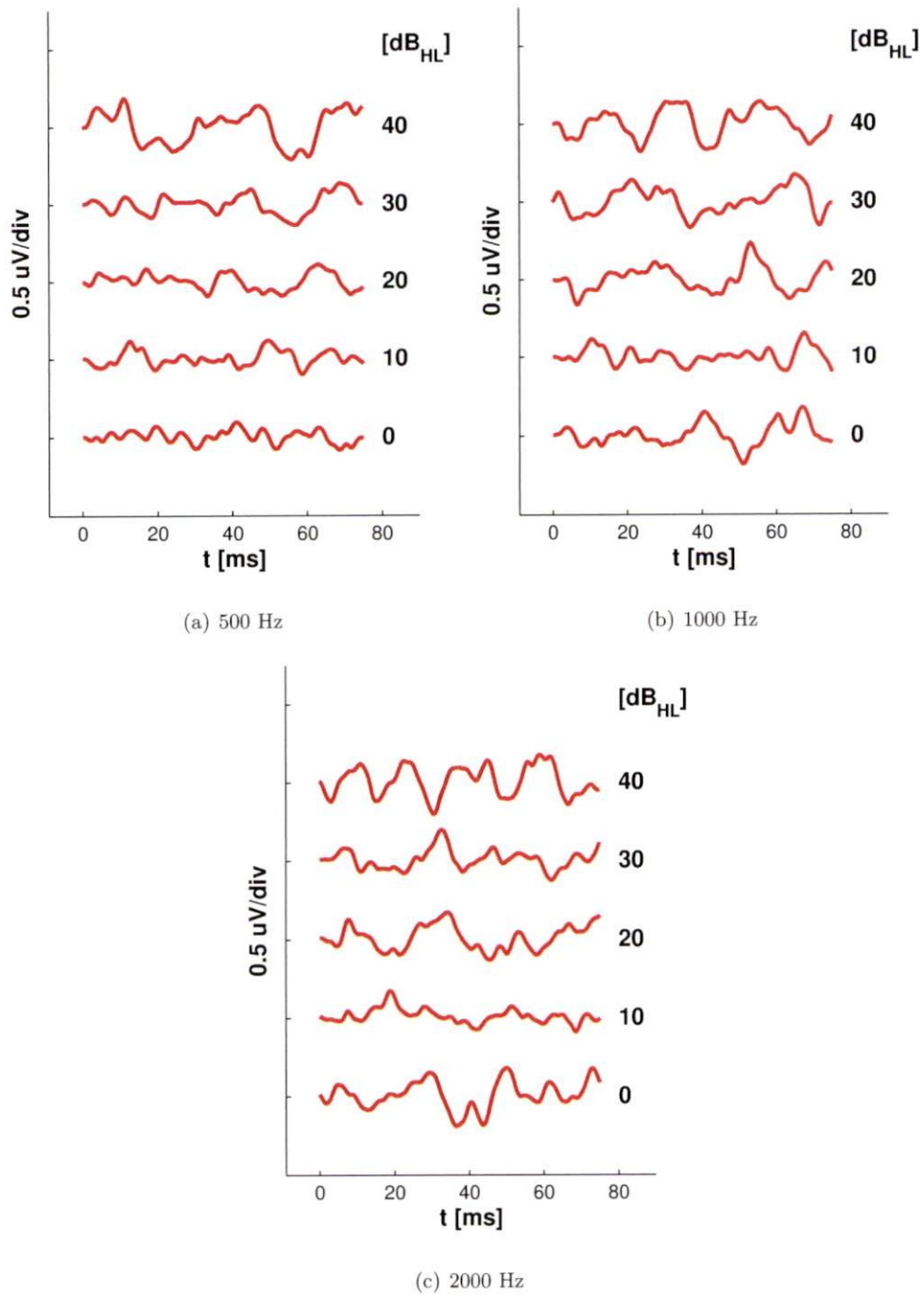


Figura 3.13: Señales obtenidas al procesar los registros de un voluntario con hipoacusia severa mediante el algoritmo genético y la función de calidad Ordenamiento Espectral por Cociente. Las gráficas muestran que la selección de épocas mediante el algoritmo genético no genera picos de actividad donde es fisiológicamente imposible que los haya.

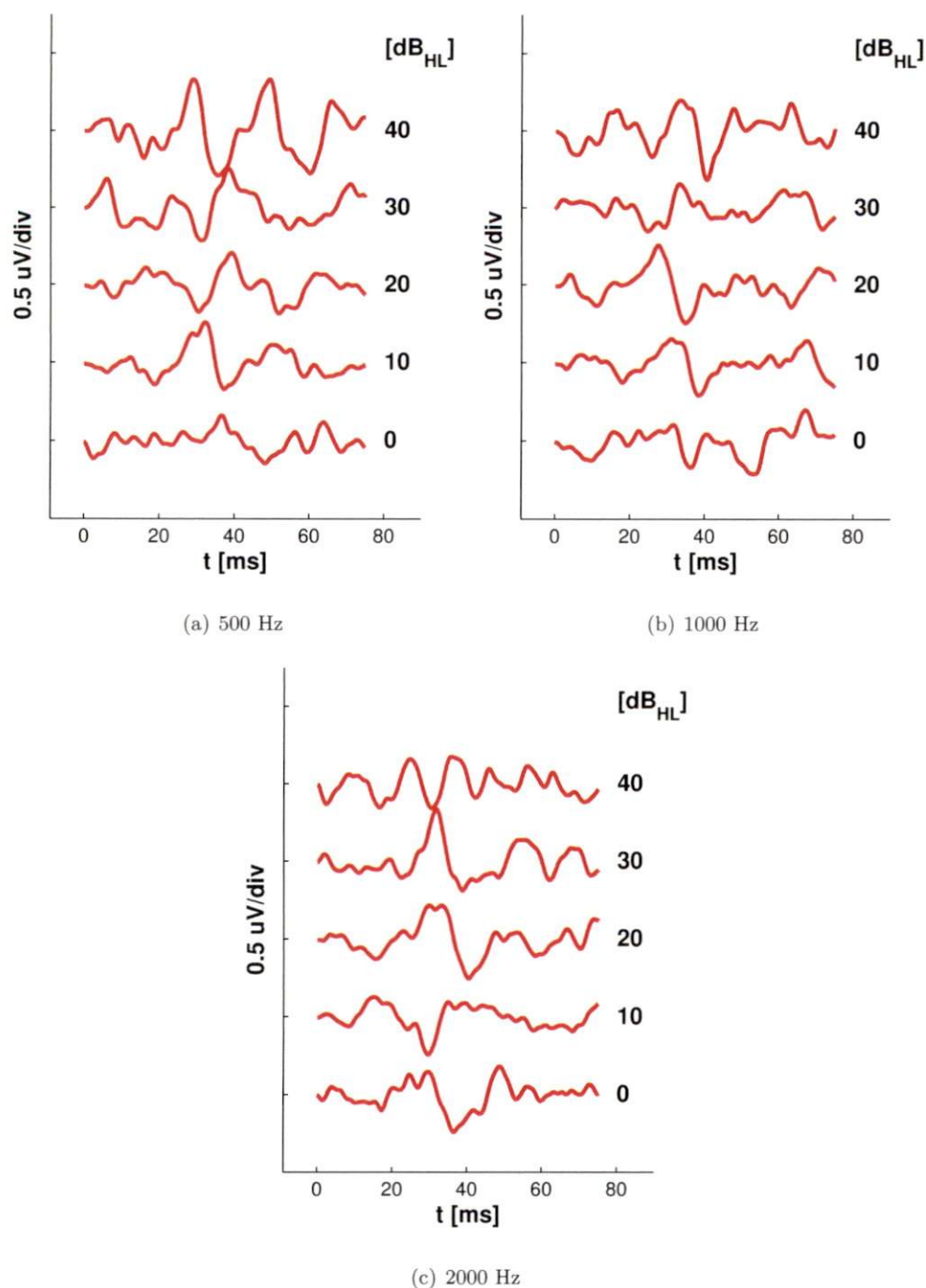


Figura 3.14: Señales obtenidas al procesar los registros de un voluntario con hipoacusia severa mediante el algoritmo genético y la función de calidad FSP. Las gráficas muestran que la selección de épocas mediante el algoritmo genético genera picos que pueden ser mal interpretados por los especialistas como picos de actividad debidos a la estimulación acústica.

Discusión y Conclusiones

Los resultados muestran que las tres métricas de calidad propuestas guardan una proporción directa con la calidad de los subconjuntos de épocas y la morfología de la señal promediada. Esto puede corroborarse en la figura 2.2 para el índice FSP y en las figuras 2.12(a) y 2.12(b) para las funciones de ordenamiento espectral. Estas figuras muestran que el histograma de las métricas de calidad exhibe un comportamiento distinto para los registros calificados empíricamente como de buena y mala calidad por el especialista. De forma general se observa que el histograma de la muestra se traslapa en tan solo un cuartil de la distribución.

Por otra parte, la analogía evolutiva de los algoritmos genéticos en donde los rasgos de las soluciones se describen como la presencia o ausencia de información (genes) permite codificar los subconjuntos de épocas de forma directa sin requerir de ninguna transformación previa. Al mismo tiempo los conceptos de cruce y mutación entre los elementos de nuevas generaciones y los elementos elitistas de generaciones anteriores permiten maximizar las funciones de calidad en una forma más efectiva de la que un proceso de maximización por gradiente podría hacer. Esto se debe a que en los métodos de

gradiente la efectividad de la maximización se ve comprometida cuando la función objetivo tiene múltiples extremos como es el caso de las funciones de calidad planteadas en este trabajo; en contraste los algoritmos genéticos son menos susceptibles a la convergencia temprana dado que el espacio de búsqueda tiene un alcance global en todo momento [23].

Al maximizar las funciones de calidad mediante el algoritmo genético se observa que las señales obtenidas guardan similitud morfológica con las señales obtenidas mediante promediación empírica en una forma que no es posible obtener mediante la selección aleatoria de un mismo número de épocas. Esto puede corroborarse al examinar las figuras 3.5 y 3.8 para las funciones de ordenamiento espectral, la figura 3.9 para el índice FSP y la figura 3.10 para la selección aleatoria.

En el caso de las funciones de ordenamiento espectral puede comprobarse que la aplicación del algoritmo facilita la separación de los subespacios de señal y ruido al incrementar la diferencia de la magnitud de los eigenvalores en la región de componentes principales y los eigenvalores en la región de componentes secundarios (figuras 3.4(a) y 3.7(a)). Este resultado indica que los criterios de información de Akaike y Rissanen pueden resultar poco robustos al observar únicamente la magnitud de los valores singulares de la matriz de datos ignorando el contenido espectral de los eigenvectores asociados. Por otra parte, como se aprecia en los ejemplos de las figuras 3.4(c) y 3.7(c), la incorporación de información espectral en las funciones de calidad permite colocar los eigenvectores con contenido espectral consistente con los PEALM en la región de componentes principales provocando así que la morfología del promedio de épocas permita identificar los picos de actividad de interés.

Por otra parte los resultados muestran que la utilización de la función de calidad FSP arroja señales en las que se facilita notablemente la identificación del pico P_a (figura 3.9), sin embargo el procesamiento de los registros sin respuesta evocada (figura 3.14) muestra que el utilizar esta función de calidad de forma indiscriminada puede llevar a conclusiones

poco acertadas sobre los umbrales de audición del paciente ya que el algoritmo genera picos que pueden ser interpretados como actividad del sistema nervioso auditivo central.

Al contrastar los resultados obtenidos con cada tipo de función de calidad se observa que las funciones de Ordenamiento Espectral por Varianza y por Cociente arrojan resultados en los que el pico P_a tiene una amplitud menos notable respecto a los registros obtenidos al utilizar la función FSP, sin embargo al comparar los resultados de procesar los registros del voluntario normoyente y del voluntario con hipoacusia (figuras 3.12 y 3.13) se comprueba que estas funciones de calidad tienen la ventaja de no generar picos en registros carentes de información. Dado lo anterior resulta razonable proponer una estrategia para la identificación y cuantificación de respuestas evocadas basada por una parte en el uso de las funciones de Ordenamiento Espectral para verificar la presencia de la respuesta y por otra parte en el uso de FSP para maximizar la calidad de la señal sobre la cual se medirá la latencia del potencial evocado.

Por otra parte los resultados mostrados en las tablas 3.1, 3.2 y 3.3 evidencian que si bien el algoritmo tiene la capacidad de identificar subconjuntos de épocas que al promediarse permitan identificar fácilmente el pico P_a , el algoritmo no tiene la capacidad de identificar subconjuntos similares a los identificados por el especialista. Pese a este comportamiento, el algoritmo elige sistemáticamente subconjuntos similares de épocas, esto se corrobora en la figura 3.2 donde se muestran las gráficas de caja para la semejanza entre las señales obtenidas por el especialista y las señales obtenidas por el algoritmo mediante promediación y mediante el cálculo de la iDKLT sobre el subconjunto de épocas elegidas.

En cuanto a los parámetros óptimos identificados para las distintas funciones de calidad, la tabla 3.4 muestra que en el caso de las funciones de ordenamiento espectral la información más relevante sobre el potencial evocado se encuentra en frecuencias inferiores a 100 Hz por lo que el muestreo de la señal podría reducirse a frecuencias inferiores a las descritas en el apéndice B. La reducción de la frecuencia de muestreo tiene un impacto

directo en los recursos computacionales requeridos para la ejecución del algoritmo de forma que una menor cantidad de muestras implica menor tiempo de procesamiento para calcular la descomposición en valores singulares de la matriz de datos por lo que los tiempos de ejecución mostrados en la tabla 3.5 podrían verse reducidos en cierta medida.

En términos prospectivos, la función de calidad basada en el índice FSP puede ser enriquecida a partir del trabajo desarrollado en [30] donde se propone una modificación a este índice que consiste en eliminar la suposición de que el ruido del registro es estacionario y es generado por una fuente única. Las modificaciones al índice permiten considerar que el ruido no es estacionario y que el ruido es generado por varias fuentes. Los resultados del trabajo mencionado demuestran que estas modificaciones al índice FSP reducen el error cuadrático medio en la estimación de la respuesta y al mismo tiempo se incrementa el área ROC en la detección de la misma.

Por otra parte, este trabajo se centra en el procesamiento de potenciales evocados auditivos de latencia media, sin embargo dado que las características de la señal y las suposiciones estadísticas son muy similares a otro tipo de respuestas evocadas, la metodología propuesta podría ser utilizada en el procesamiento de potenciales evocados visuales, somatosensoriales o cognitivos.

Finalmente el tiempo de procesamiento de los registros podría representar un problema táctico en el campo clínico ya que como se muestra en la tabla 3.5 la ejecución del algoritmo puede tomar varios minutos. En este sentido es posible plantear la optimización de los parámetros del algoritmo como son el tamaño de población, el número de elementos elitistas, la probabilidad de cruce, la probabilidad de mutación y el criterio de paro de forma que se incremente la velocidad de convergencia de la solución. Por otra parte el advenimiento de las plataformas de cómputo en paralelo basadas en la utilización de unidades de procesamiento gráfico (plataformas CUDA) tienen el potencial de incrementar drásticamente la eficiencia de la metodología propuesta en la misma forma en la que han incrementado la eficiencia de procesamiento en otros campos de la ingeniería [31].

Bibliografía

- [1] B. Stach, *Clinical audiology : an introduction*. Clifton Park, NY: Delmar Cengage Learning, 2010.
- [2] A. Quintana, "Audiometría estimada a partir del potencial evocado auditivo de latencia media," Master's thesis, Universidad Autónoma Metropolitana, 2010.
- [3] *Bureau International d'AudioPhonologie - Clasificación Audiométrica de las deficiencias auditivas*, 2011 (consultado 08-mar-2012). <http://www.biap.org/>.
- [4] *American Speech Language Hearing Association - Audiometric Symbols*, 2012 (consultado 17-may-2012). <http://www.asha.org/policy/GL1990-00006.htm>.
- [5] R. Goldstein, *Evoked potential audiometry : fundamentals and applications*. Boston: Allyn and Bacon, 1999.
- [6] R. F. Buckard, M. Don, and J. J. Eggermont, *Auditory evoked potentials : basic principles and clinical application*. Philadelphia: Lippincott Williams & Wilkins, 2007.
- [7] J. T. Jacobson, *Principles and applications in auditory evoked potentials*. Boston: Allyn and Bacon, 1994.

- [8] J. Owen and C. Donohoe, *Clinical atlas of auditory evoked potentials*. Orlando, Fla: Grune & Stratton, 1988.
- [9] A. M. Halliday, S. R. Butler, and R. Paul, *A Textbook of clinical neurophysiology*. Chichester New York: Wiley, 1987.
- [10] J. D. Bronzino, *The biomedical engineering handbook*. Boca Raton: CRC/Taylor & Francis, 2006.
- [11] U. K. Misra and J. Kalita, *Clinical Electroencephalography*. Elsevier, 2005.
- [12] L. Sörnmo and P. Laguna, *Bioelectrical signal processing in cardiac and neurological applications*. Amsterdam Boston: Elsevier Academic Press, 2005.
- [13] A. Nait-Ali, *Advanced biosignal processing*. Berlin: Springer, 2010.
- [14] M. Don, C. Elberling, and M. Waring, "Objective detection of averaged auditory brainstem responses," *Scandinavian Journal of Audiology*, vol. 13, pp. 219–228, 1984.
- [15] N. Stephen, "Method and apparatus for objective and automated analysis of auditory brainstem response to determine hearing capacity." United States Patent Number 5,697,379, December 17, 1997.
- [16] G. Gentiletti, "Reconocimiento automático del potencial evocado de tallo cerebral en la detección de la discapacidad auditiva," Master's thesis, Universidad Autónoma Metropolitana, 2002.
- [17] I. Jolliffe, *Principal component analysis*. New York: Springer, 2010.
- [18] C. Therrien, *Discrete random signals and statistical signal processing*. Englewood Cliffs, NJ: Prentice Hall, 1992.
- [19] M. Sewell, "Model selection," tech. rep., University College London, 2007.
- [20] M. Wax and T. Kailath, "Detection of signals by information theoretic criteria," *IEEE Transactions on Acoustics, Speech and Signal Processing*, vol. 33, no. 2, p. 287, 1985.

- [21] S. Andrews, R. Palaniappan, and S. Asirvadam, "Single trial source separation of vep signals using selective principal components," in *International Conference on Advances in Medical signal Processing*, pp. 51–57, 2004.
- [22] Y. Ephraim and H. V. Trees, "A signal subspace approach for speech enhancement," *IEEE Transactions on Speech and Audio Processing*, vol. 3, no. 4, pp. 251 – 266, 1995.
- [23] J. Spall, *Introduction to stochastic search and optimization : estimation, simulation, and control*. Hoboken, N.J: Wiley-Interscience, 2003.
- [24] J. D. Lohn, D. S. Linden, G. S. Hornby, W. F. Kraus, A. Rodriguez, and S. Seufert, "Evolutionary design of an x-band antenna for nasa's space technology 5 mission," in *IEEE Antenna and Propagation Society International Symposium and USNC URSI National Radio Science Meeting*, vol. 3, pp. 2313–2316, 2004.
- [25] S. Hurley, L. Moutinho, and N. M. Stephens, "Solving marketing optimization problems using genetic algorithms," *European Journal on Marketing*, vol. 29, no. 4, pp. 39 – 56, 1995.
- [26] D. Maddalena and G. Snowdon, "Applications of genetic algorithms to drug design," *Expert Opinion on Therapeutic Patents*, vol. 7, no. 3, pp. 247–254, 1997.
- [27] S. Sivanandam, *Introduction to genetic algorithms*. Berlin New York: Springer, 2010.
- [28] M. Mitchell, *An introduction to genetic algorithms*. Cambridge, Mass: MIT Press, 1998.
- [29] A. Wright, M. Vose, and J. Rowe, "Implicit parallelism," in *Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference*, vol. 2724, pp. 1505 – 1517, 2003.
- [30] I. Silva, "Estimation of postaverage snr from evoked responses under nonstationary noise," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 56, pp. 2123–2130, August 2009.

-
- [31] *Get Started With CUDA C/C++*, 2011 (consultado 23-sep-2012). <http://developer.nvidia.com/cuda/get-started-cuda-cc/>.
- [32] *Swartz Center for Computational Neuroscience - LOADEEG Load a binary data file in Neuroscan .eeg file format*, 2010 (consultado 03-oct-2010). <http://sccn.ucsd.edu/eeglab/allfunctions/loaddeeg.html>.

Apéndice A

Simbología

L Función que se busca optimizar en la descripción de algoritmos genéticos

θ_f Dominio de la función L que se busca optimizar en la descripción de algoritmos genéticos

Θ Dominio restringido del dominio completo θ_f

G Conjunto de soluciones potenciales al problema de maximización de la función L

g Conjunto de mejores soluciones potenciales al problema de maximización de la función L

N_c Cardinalidad de la población generada aleatoriamente en la ejecución del algoritmo genético

N_e Cardinalidad de la población elitista en una iteración de la ejecución del algoritmo genético

P_c Probabilidad de cruce de dos cromosomas en una iteración de la ejecución del algoritmo genético

- P_m Probabilidad de mutación de dos cromosomas en una iteración de la ejecución del algoritmo genético
- k_c Número de épocas codificadas en un gen al efectuar la disminución de cardinalidad del espacio de búsqueda
- \mathcal{E} Conjunto de elementos que conforman el espacio de búsqueda al codificar una época por gen
- \mathcal{E}' Conjunto de elementos que conforman el espacio de búsqueda al codificar k_c épocas por gen
- L_c Longitud de un cromosoma al codificar k_c épocas por gen
- \mathbf{z} Registro crudo de la señal electroencefalográfica
- \mathbf{s} Potencial evocado libre de ruido
- η Ruido debido a la actividad basal del SNC
- N Dimensión de los vectores y del espacio completo de señal y ruido
- \mathbf{R}_z Matriz de correlación del vector \mathbf{z}
- ϕ_i i -ésimo vector base de algún subespacio, i -ésimo eigenvector de la matriz de autocorrelación \mathbf{R}_z
- Φ Matriz $N \times N$ que contiene un eigenvector de \mathbf{R}_z en cada columna
- \mathbf{k} Vector de dimensión N que contiene el valor del producto escalar entre el vector \mathbf{z} y cada base del espacio ϕ_i
- P Dimensión del subespacio de señal
- Q Dimensión del subespacio de ruido
- \mathbf{E}_s Matriz $N \times N$ que en sus P primeras columnas contiene los P vectores base del subespacio de señal y en las $Q = N - P$ columnas restantes contiene réplicas del vector cero.

-
- E_η Matriz $N \times N$ que en sus primeras P columnas contiene P réplicas del vector cero y en las Q columnas restantes contiene los vectores base del subespacio de ruido.
- θ Vector de dimensión N que en las primeras P entradas contiene la magnitud del producto escalar entre \mathbf{z} y cada base del subespacio de señal y en las Q entradas restantes contiene la magnitud cero.
- ψ Vector de dimensión N que en las primeras P entradas contiene la magnitud cero y en las Q entradas restantes contiene la magnitud del producto escalar entre \mathbf{z} y cada base del subespacio de ruido.
- ξ Multiplicador de Lagrange que condiciona la maximización de varianza del vector \mathbf{z} en las direcciones ϕ_i
- M Número de épocas registradas durante un estudio de potenciales evocados
- \mathbf{X} Matriz de datos $M \times N$ con M épocas de N puntos
- Λ Matriz diagonal $N \times N$ cuyo i -ésimo elemento diagonal contiene el i -ésimo eigenvalor de \mathbf{R}_z
- \cdot^T Operador de transposición matricial
- \mathbf{U} Matriz $M \times M$ que contiene los vectores singulares izquierdos de la matriz \mathbf{X}
- \mathbf{V} Matriz $M \times M$ que contiene los vectores singulares derechos de la matriz \mathbf{X}
- Σ Matriz $M \times N$ que contiene los valores singulares de la matriz \mathbf{X}
- σ_i i -ésimo valor singular de la matriz \mathbf{X}
- λ_i i -ésimo eigenvalor de la matriz \mathbf{R}_z
- P_0 Número de parámetros identificados por el criterio de Akaike o Rissanen
- x_p Conjunto de observaciones del sistema cuyo número de parámetros se busca determinar a través del criterio de Akaike o Rissanen

- θ_p Conjunto de parámetros que describen el sistema cuya complejidad se busca determinar a través del criterio de Akaike o Rissanen
- ρ Cociente de las media geométrica y aritmética de los eigenvalores de \mathbf{R}_z
- r Proporción de la energía total de una función base, nótese que $0 \leq r \leq 1$
- ω_0 Borde espectral de proporción r
- \mathfrak{F} Operador de Transformada de Fourier de tiempo discreto (TFTD)
- j Índice discreto en el dominio de la frecuencia que recorre los puntos de la TFTD de una serie de tiempo
- $\hat{\mathbf{s}}$ Estimación del potencial evocado \mathbf{s}
- $\mathbf{\Gamma}$ Matiz $N \times N$ que contiene en sus primeros P elementos diagonales los factores de ponderación para la reconstrucción del potencial evocado
- γ_i i -ésimo factor de ponderación para la reconstrucción del potencial evocado
- σ_n Varianza de la señal electroencefalográfica
- Qv Calidad del conjunto de épocas es medida como el inverso de la varianza muestral de la suma de eigenvalores asociados a eigenvectores de alta frecuencia
- $\overline{\lambda_\eta}$ Media de los eigenvalores asociados a eigenvectores de alta frecuencia.
- \mathbf{m} Cardinalidad del subconjunto de épocas seleccionado por el algoritmo genético.

Apéndice B

Protocolo de adquisición

La adquisición de los potenciales evocados que se utilizaron en la realización de esta investigación fueron adquiridos en el marco de la investigación realizada por [2] y a continuación se resaltan los aspectos más importantes del control de voluntarios, parámetros de estimulación acústica y parámetros de adquisición del electroencefalograma que rigieron el protocolo experimental en dicho trabajo.

B.1. Infraestructura y materiales utilizados

Para la adquisición de potenciales evocados se utilizó la infraestructura y los materiales del Laboratorio de Audiología de la UAMI enlistados en la tabla B.1.

B.2. Generación de tonos de estimulación

La estimulación fue llevada a cabo mediante tonos sinusoidales puros modulados por una ventana envolvente triangular con las características mencionadas en la tabla B.2. Un ejemplo de la señal tonal se muestra en la figura B.1. Los tonos fueron sintetizados

Instrumento / Material	Marca / Modelo
Otoscopio	<i>Desconocido</i>
Software para generación de estímulos	<i>Stim 2.1</i>
Sistema multipropósito para mapeo cerebral	<i>Neuroscan SynAmps 5083</i>
Medidor de impedancia entre electrodos	<i>Grass EZM - 3A</i>
Audiómetro clínico	<i>Interacoustics AC40</i>
Electrodos circulares de oro	<i>Grass FS-E5GH-30</i>
Audífonos supra aurales	<i>Telephonics TDH - 39P</i>
Cámara anecóica	No aplica
Pasta conductiva	<i>Ten 20</i>
Cinta micropore	No aplica
Torundas impregnadas en alcohol	No aplica

Tabla B.1: Infraestructura y materiales utilizados en la adquisición de potenciales evocados.

mediante el software *Stim 2.1* y fueron calibrados en intensidad mediante el audiómetro clínico *Interacoustics AC40*.

B.3. Configuración del sistema de adquisición

Para la adquisición del electroencefalograma se utilizó el amplificador *Neuroscan SynAmps 5083* configurado de acuerdo con los parámetros enlistados en la tabla B.3.

B.3.1. Submuestreo óptimo

Con el objetivo de facilitar la visualización de los detalles morfológicos de cada época se estableció una frecuencia de muestreo de 20kHz en una ventana de adquisición de 75ms. Si

Frecuencias	500, 1000, 2000, 3000 Hz
Tiempo de ataque	10ms
Tiempo de relajación	10ms
Tiempo de meseta	0ms
Intensidades	-5 a $40dB_{HL}$ espaciados $5dB_{HL}$ omitiendo $35 dB_{HL}$
Frecuencia de presentación de estímulos	5 Hz (pips por segundo)

Tabla B.2: Características de los tonos de estimulación

bien las épocas adquiridas bajo estos parámetros tienen una alta resolución temporal, los vectores resultantes $\mathbf{z} \in R^{1500}$ poseen una dimensión que genera problemas al momento de aplicar la función de costo de ordenamiento espectral. Este problema consiste en obtener una mala estimación de las bases ortonormales de \mathbf{z} al calcular la SVD de la matriz de datos \mathbf{X} a partir de un número de épocas inferior al número de puntos disponibles (típicamente se adquieren 500 épocas de $20\text{kHz} \cdot 75\text{ms} = 1500$ puntos).

Por lo anterior se aplicó un procesamiento previo a la ejecución del algoritmo genético que consiste en submuestrear las épocas de EEG a una frecuencia que permita prescindir de cierto número de muestras del electroencefalograma y que al mismo tiempo garantice que al menos el 99 % de la energía de las señales sea conservado. Para tal efecto se determinó el borde espectral del 99 % de cada época (modulada por una ventana Hamming con la finalidad de evitar el efecto de fuga espectral) y se definió la frecuencia de remuestreo como el doble de la frecuencia del borde espectral que el 99 % de las épocas comparte.

En la figura B.2 se muestra una representación de la magnitud de la Transformada discreta de Fourier para el conjunto de épocas contenido en el registro CR_500_0_D.eeg. En la figura el eje horizontal corresponde al eje de la frecuencia mientras que en el eje vertical se enumera cada época, por otra parte la magnitud de la transformada de Fourier se codifica en color para cada frecuencia. La línea verde resalta la frecuencia a la cual el

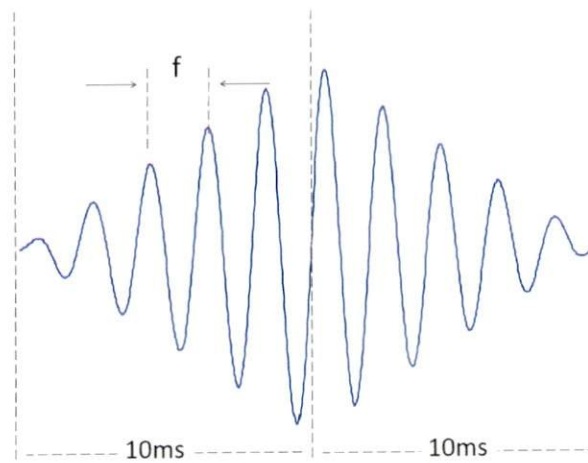


Figura B.1: Ejemplo de tono de estimulación.

procesamiento mencionado identifica el borde espectral del 99% de energía, como puede observarse la energía se concentra en frecuencias inferiores a 600Hz y el remuestreo a 1200Hz permitiría disminuir la dimensión del vector \mathbf{z} de R^{1500} a R^{90} .

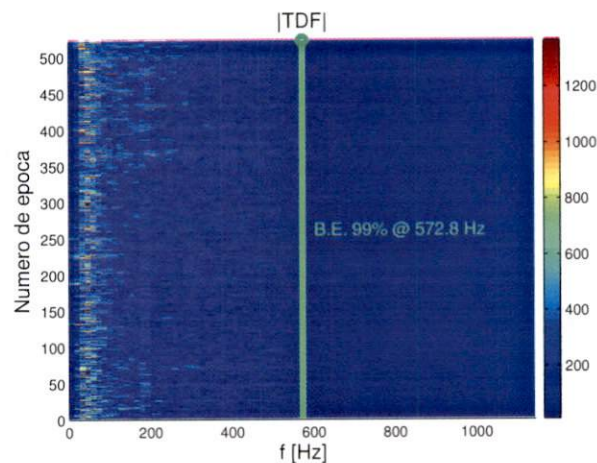


Figura B.2: Identificación del borde espectral de las épocas del registro CR_500_0.D.eeg.

Frecuencia de muestreo	20kHz
Ganancia	12,000 V/V
Banda de paso	30 - 500Hz
Pendiente de corte	12 dB/oct
Ventana de adquisición	75ms
Rechazo de artefactos	$\pm 15\mu V$
Épocas adquiridas	500 (divididas en adquisición y réplica de 250 épocas cada una)

Tabla B.3: Configuración del sistema de adquisición de potenciales evocados.

B.4. Selección y preparación de voluntarios

Se seleccionaron 11 voluntarios (5 mujeres y 6 hombres) de entre 19 y 28 años de edad a los cuales se les realizó en una primera sesión una inspección otoscópica para verificar que la apariencia del canal auditivo y de la membrana timpánica fuera normal, posteriormente cada voluntario fue sometido a audiometría conductual para verificar que su umbral auditivo se encontrara por debajo de 20dB_{HL} en un rango espectral de 500 a 3000Hz, los resultados de la audiometría de cada voluntario pueden ser consultados en [2].

El estudio de potenciales evocados tuvo lugar en una segunda sesión en la que se le solicitó a los voluntarios asistir cansados para que les resultara fácil conciliar el sueño. Como preparación para el estudio se limpió la piel de los voluntarios en los puntos A_1 , A_2 , C_Z y F_{PZ} mediante torundas impregnadas en alcohol, posteriormente se colocaron los electrodos acoplados a la piel mediante pasta conductiva y se verificó que la impedancia entre electrodos fuera inferior a $5\text{k}\Omega$. Una vez que se corroboró que la colocación de electrodos fuera adecuada se colocó a los voluntarios en un sillón reclinable dentro de la cámara anecóica y se les colocó los audífonos supra aurales y se conectaron los electrodos al sistema de adquisición.

B.5. Adquisición de PEALM

Teniendo a los voluntarios dentro de la cámara anecóica se inició el monitoreo del nivel de conciencia a través de la observación de la amplitud del electroencefalograma y a través de observación directa mediante una cámara de video instalada dentro de la cámara anecóica, durante este periodo se enviaron tonos de estimulación en modo biaural a una intensidad de 40dB_{HL} con la finalidad de acostumbrar a los voluntarios a la presencia de los tonos al tiempo que se relajaban, cuando el electroencefalograma mostró una amplitud inferior a $10\mu\text{V}$ se cambió la estimulación a modo monoaural y se inició la adquisición de dos réplicas de 250 épocas a 40dB_{HL} disminuyendo sucesivamente la intensidad de 40 a -5dB_{HL} de acuerdo con la tabla B.2. En cada intensidad se adquirieron épocas en los canales ipsilateral y contralateral de cada oído. Para cada intensidad se estimuló con tonos a las cuatro frecuencias mencionadas en la tabla B.2 de forma aleatoria con probabilidad de presentación uniforme.

B.5.1. Almacenamiento de señales

Las épocas de EEG de los canales ipsilateral y contralateral fueron almacenadas en el formato propietario del Sistema de mapeo Neuroscan [32] en archivos nombrados con el formato NN_FFFF_II.O.eeg, donde:

NN: Iniciales del nombre del voluntario

FFFF: Frecuencia de estimulación

II: Intensidad de estimulación

O: Oído estimulado

A manera de ejemplo, el archivo LG_1000_25.D.eeg se refiere al registro obtenido del voluntario hipotético Luis García a una frecuencia de 1000Hz y a una intensidad de 25dB_{HL} estimulando el oído derecho.

Diagramas a bloques

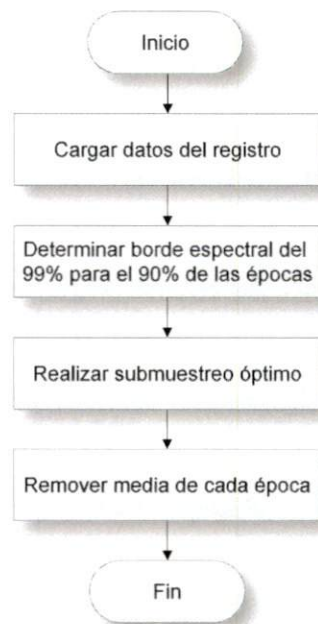


Figura C.1: Diagrama a bloques de la rutina de carga de estudio de PEALM.

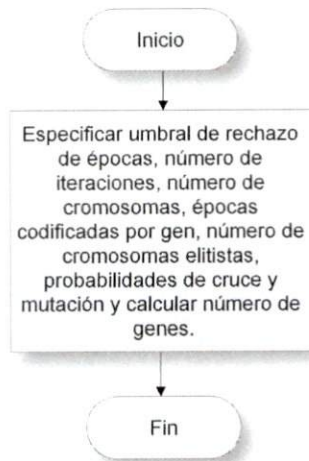


Figura C.2: Diagrama a bloques de la rutina de establecimiento de los parámetros de ejecución del algoritmo genético.

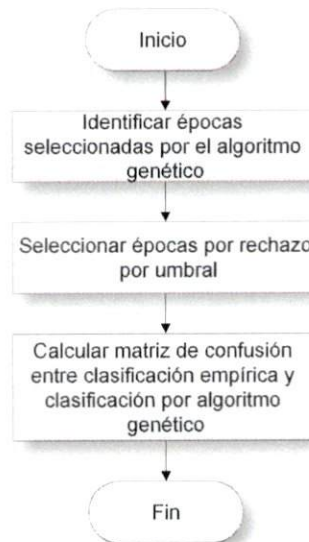


Figura C.3: Diagrama a bloques de la rutina de identificación de épocas seleccionadas.

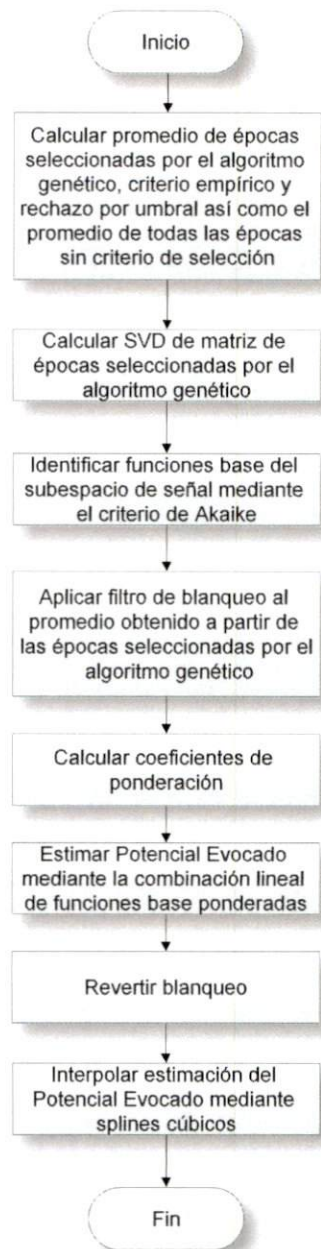


Figura C.4: Diagrama a bloques de la rutina de cálculo de promedios y cálculo de la Transformada Inversa de Karhunen - Loève para la estimación del PEALM.

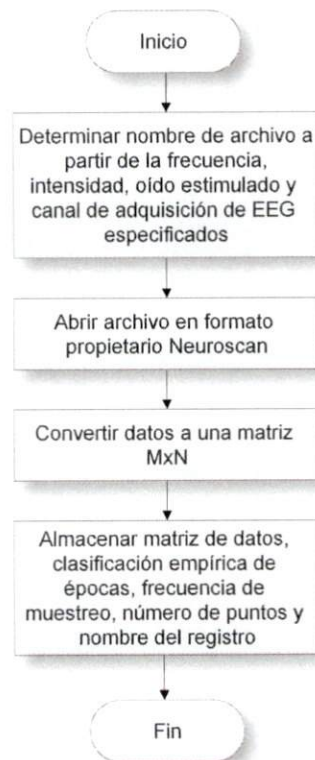


Figura C.5: Diagrama a bloques de la rutina de carga de datos.

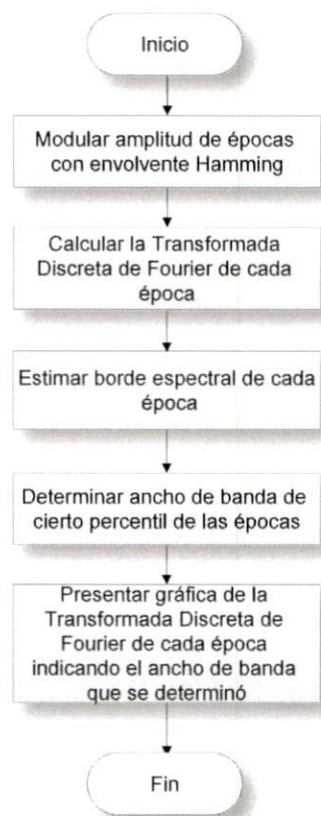


Figura C.6: Diagrama a bloques de la rutina de estimación del ancho de banda.

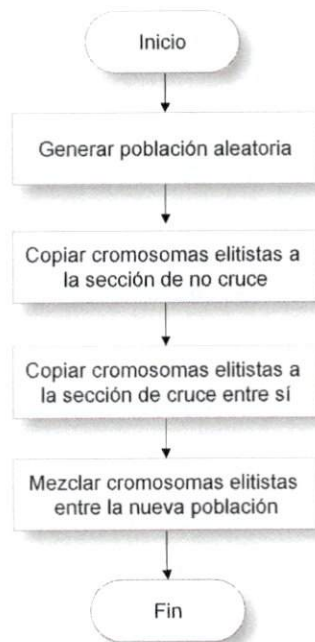


Figura C.7: Diagrama a bloques de la rutina de generación de población aleatoria.

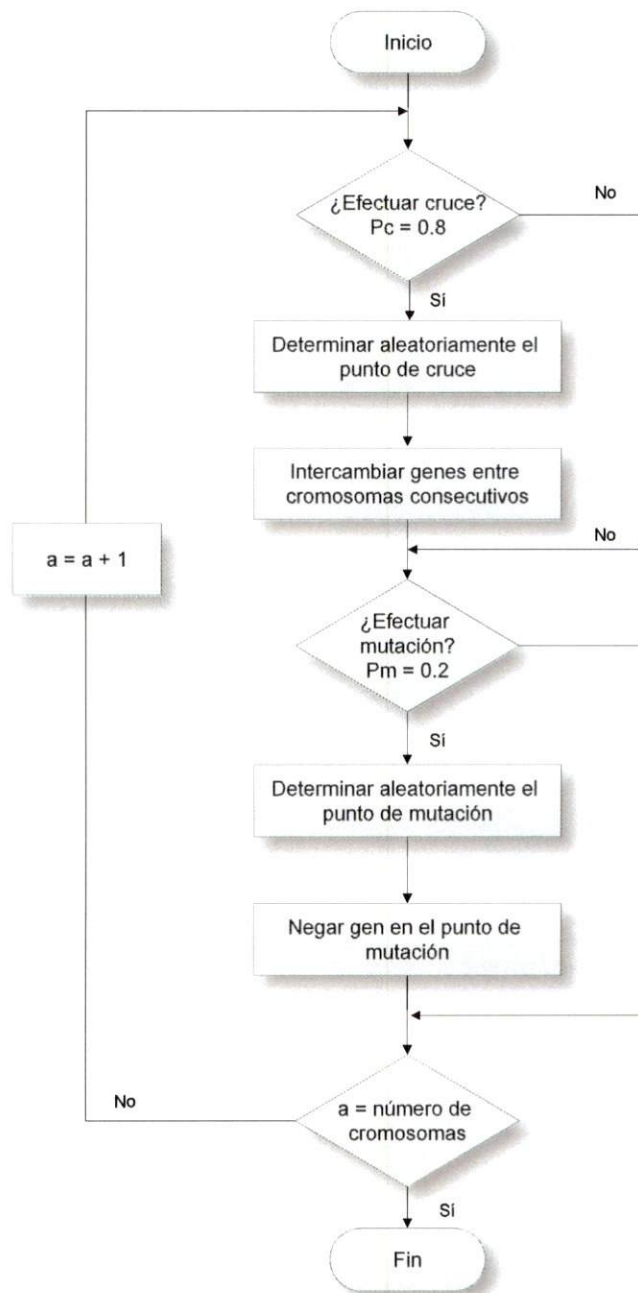


Figura C.8: Diagrama a bloques de la rutina de cruce y mutación de cromosomas.

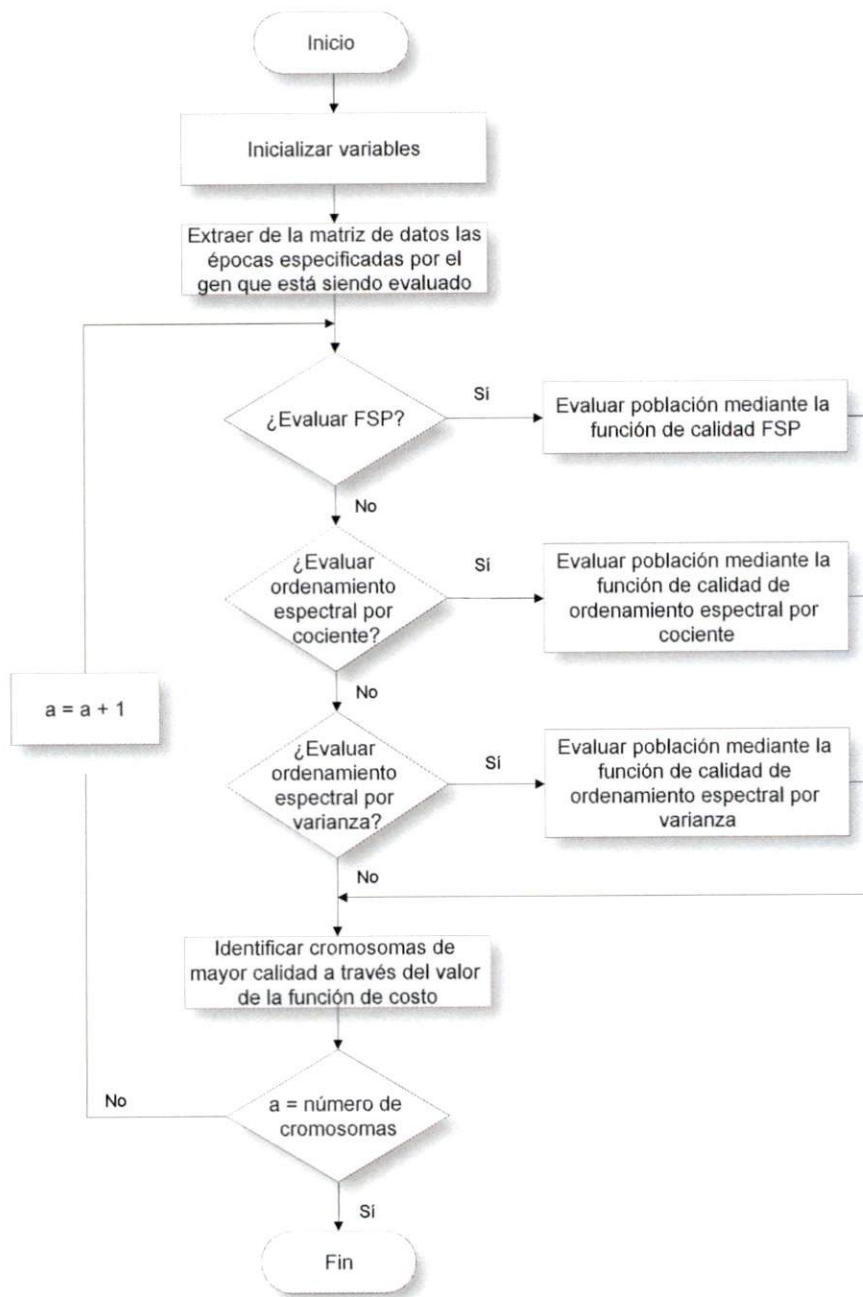


Figura C.9: Diagrama a bloques de la rutina de evaluación de población.

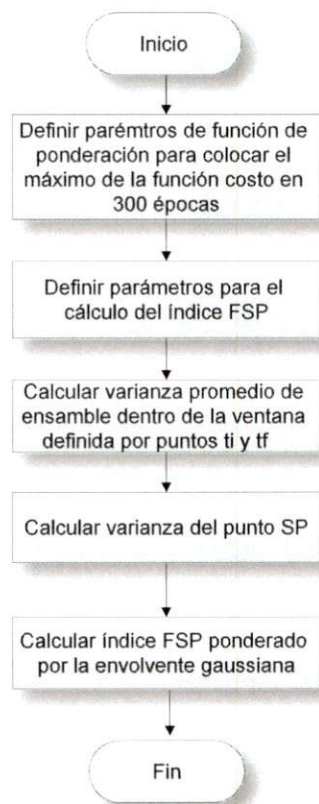


Figura C.10: Diagrama a bloques de la rutina de cálculo del índice FSP.

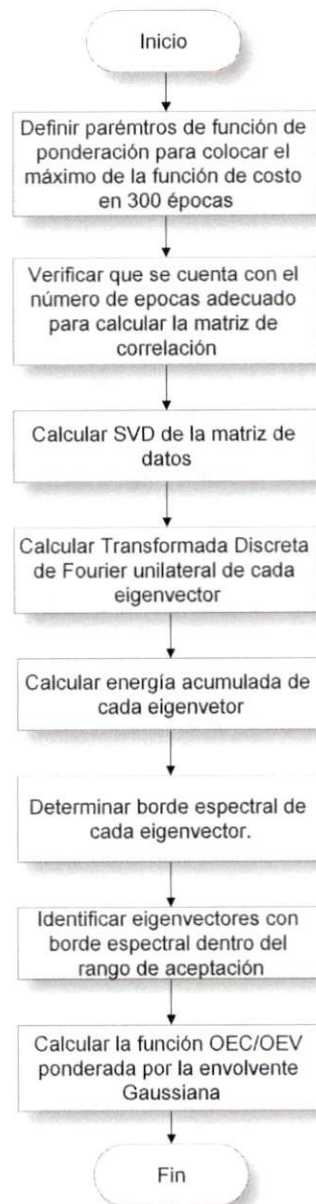


Figura C.11: Diagrama a bloques de la rutina de cálculo de función de calidad por ordenamiento espectral por cociente (OEC) u ordenamiento espectral por varianza (OEV).

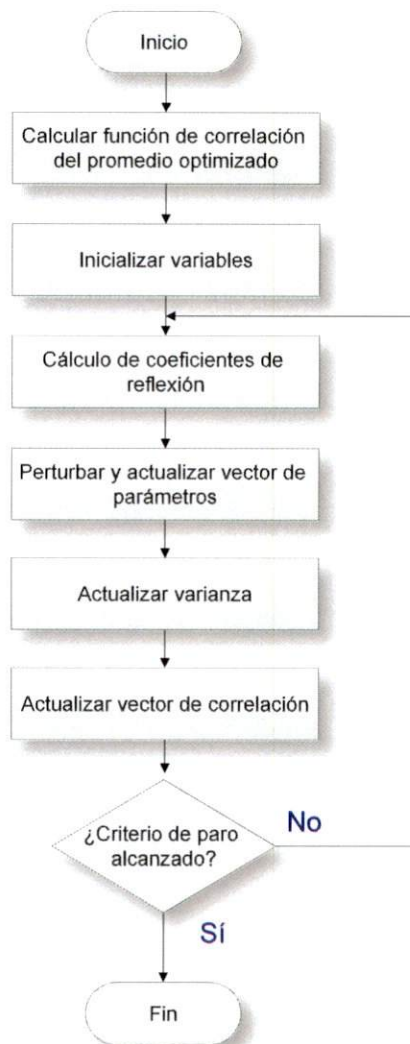


Figura C.12: Diagrama a bloques de la rutina de recursión de Levinson-Durbin.

Apéndice D

Análisis de parámetros por intensidad y por frecuencia

D.1. Análisis por intensidad

En las figuras D.1, D.2 y D.3 se muestra la variación de los parámetros óptimos en función de la intensidad de estimulación.

D.2. Análisis por frecuencia

En las figuras D.4, D.5 y D.6 se muestran las variación de los parámetros óptimos en función de la frecuencia de estimulación.

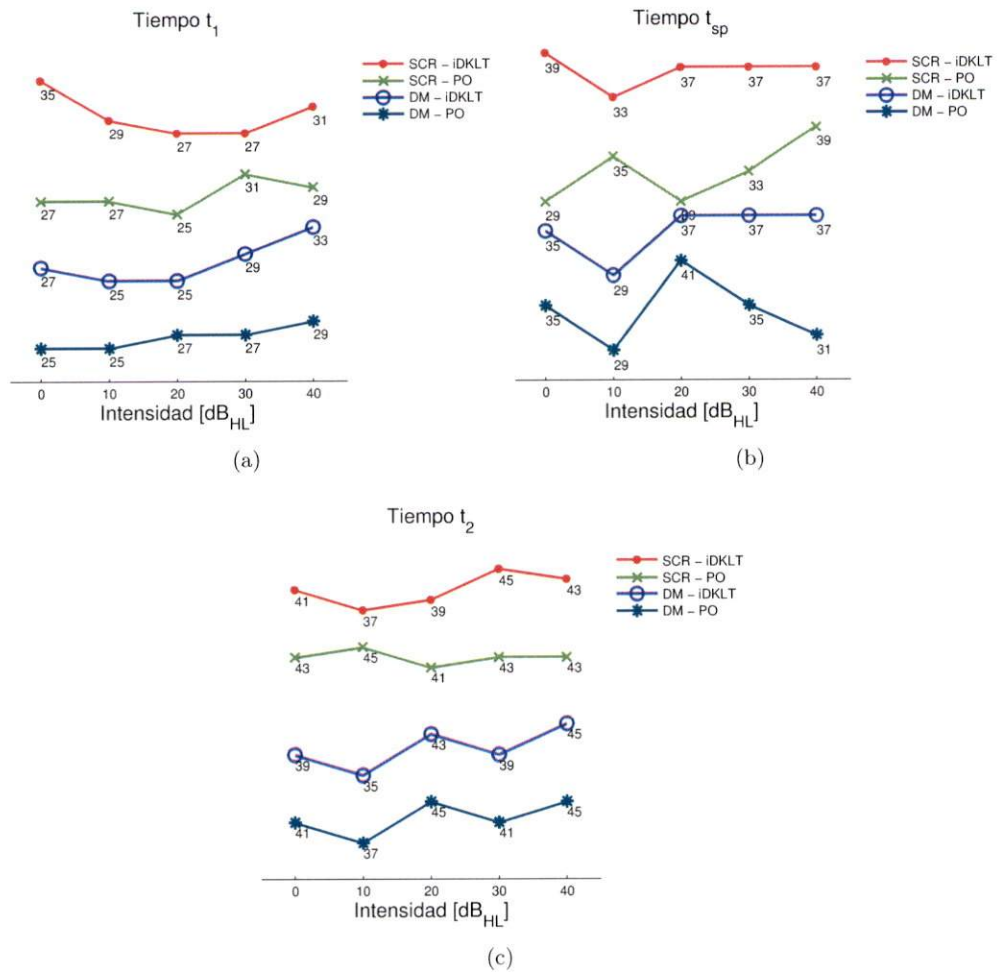


Figura D.1: Puntos óptimos FSP en función de la intensidad de estimulación. Los puntos se muestran en unidades de [ms].

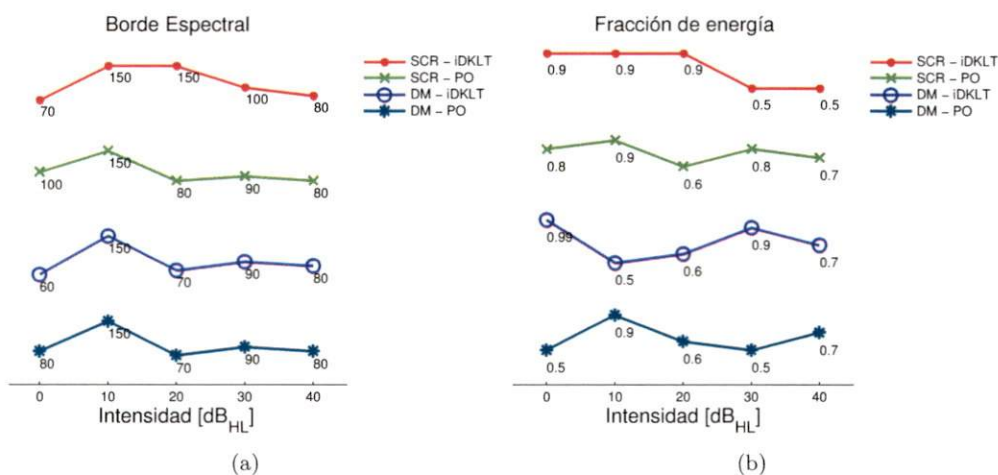


Figura D.2: Puntos óptimos Ordenamiento Espectral por Cociente en función de la intensidad de estimulación. Los puntos de borde espectral se muestran en unidades de [Hz] y los puntos de fracción de energía se muestran en unidades adimensionales.

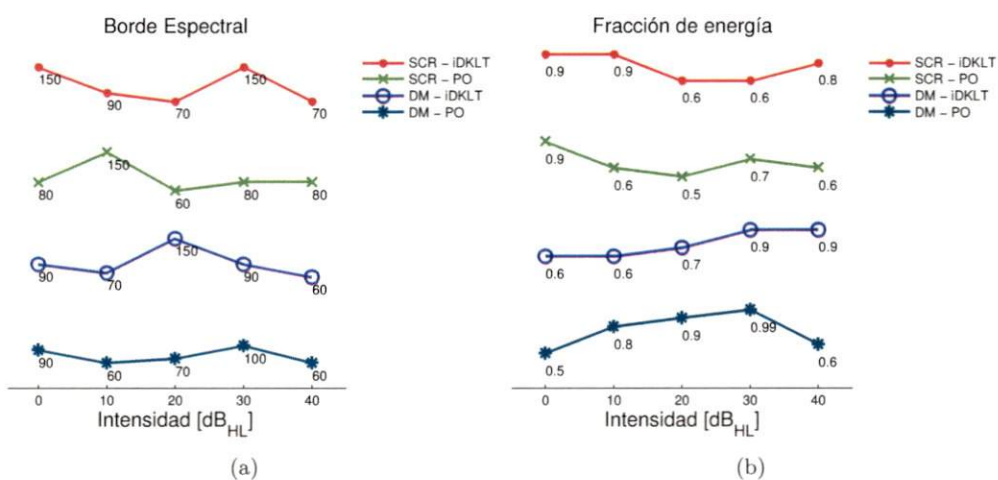


Figura D.3: Puntos óptimos Ordenamiento Espectral por Varianza en función de la intensidad de estimulación. Los puntos de borde espectral se muestran en unidades de [Hz] y los puntos de fracción de energía se muestran en unidades adimensionales.

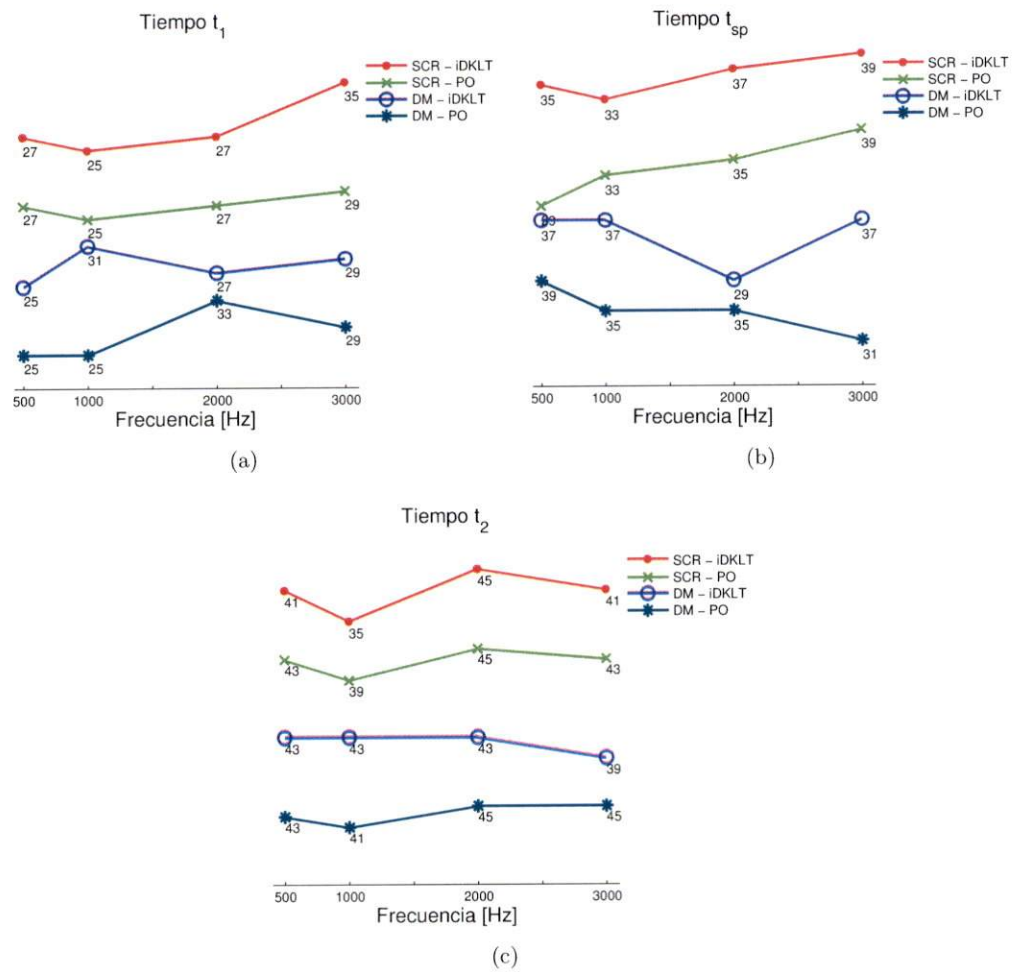


Figura D.4: Puntos óptimos FSP en función de la frecuencia de estimulación. Los puntos se muestran en unidades de [ms].

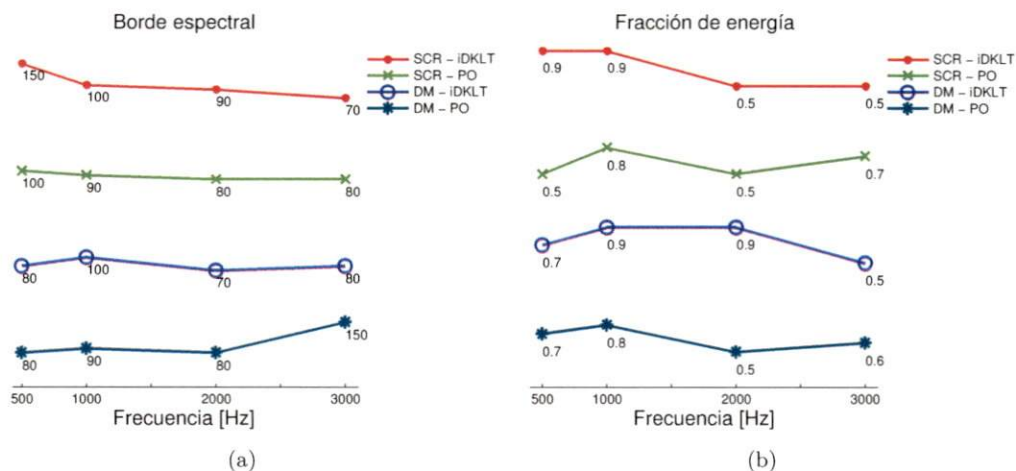


Figura D.5: Puntos óptimos Ordenamiento Espectral por Cociente en función de la frecuencia de estimulación. Los puntos de borde espectral se muestran en unidades de [Hz] y los puntos de fracción de energía se muestran en unidades adimensionales.

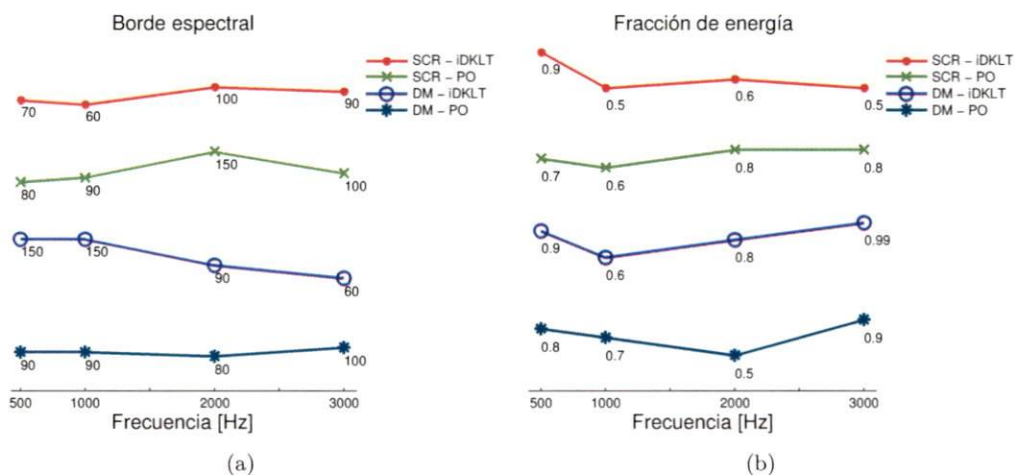


Figura D.6: Puntos óptimos Ordenamiento Espectral por Varianza en función de la frecuencia de estimulación. Los puntos de borde espectral se muestran en unidades de [Hz] y los puntos de fracción de energía se muestran en unidades adimensionales.

Apéndice E

Código Matlab

E.1. Algoritmo genético para maximización de funciones bivariadas

```
%Esta rutina determina el máximo de una función bivariada a través de la
%implementación de un algoritmo genético y despliega la gráfica de la
%función maximizada junto con la evolución de puntos. Nota: La función a
%maximizar se calcula a través de la función 'funcionObjetivo.m'.

clc; clear all;

numeroCromosomas = 100;
numeroCromosomasElitistas = 20;
probabilidadCruce = 0.8;
probabilidadMutacion = 0.3;
numeroIteraciones = 200;
ventanaExploracion = 3;

cromosomasElitistas = ventanaExploracion*rand(numeroCromosomasElitistas,2);
signos = (-1).^(-1*round(rand(numeroCromosomasElitistas,2)));
cromosomasElitistas = cromosomasElitistas.*signos;

historialApto = zeros(numeroIteraciones,2);
for i = 1:numeroIteraciones

    poblacion = ventanaExploracion*rand(numeroCromosomas,2);
```

```

signos = (-1).^(-1*round(rand(numeroCromosomas,2)));
poblacion = poblacion.*signos;
poblacion(1:numeroCromosomasElitistas,:) = cromosomasElitistas;
indicesElitistasInmersos = randperm(numeroCromosomas - numeroCromosomasElitistas);
indicesElitistasInmersos = indicesElitistasInmersos + numeroCromosomasElitistas;
indicesElitistasInmersos = indicesElitistasInmersos(1:numeroCromosomasElitistas);
poblacion(indicesElitistasInmersos,:) = cromosomasElitistas;

%Cruce y mutación
for a = (numeroCromosomasElitistas + 1): 2 :(numeroCromosomas - 1)
    if(rand(1)>(1-probabilidadCruce))
        cromosomaOriginalA = poblacion(a,:);
        cromosomaOriginalB = poblacion(a+1,:);
        poblacion(a,1) = cromosomaOriginalA(1);
        poblacion(a,2) = cromosomaOriginalB(2);
        poblacion(a+1,1) = cromosomaOriginalB(1);
        poblacion(a+1,2) = cromosomaOriginalA(2);
    end
    if(rand(1)>(1-probabilidadMutacion))
        poblacion(a,1) = poblacion(a,1) + 0.1*rand(1)*poblacion(a,1);
        poblacion(a,2) = poblacion(a,2) + 0.1*rand(1)*poblacion(a,1);
        poblacion(a+1,1) = poblacion(a+1,1) + 0.1*rand(1)*poblacion(a+1,1);
        poblacion(a+1,2) = poblacion(a+1,2) + 0.1*rand(1)*poblacion(a+1,1);
    end
end
evaluacionPoblacion = funcionObjetivo(poblacion(:,1),poblacion(:,2));
[evaluacionOrdenada, indiceOrden] = sort(evaluacionPoblacion);
evaluacionOrdenada = flipud(evaluacionOrdenada);
indiceOrden = flipud(indiceOrden);
poblacionOrdenada = poblacion(indiceOrden,:);
cromosomasElitistas = poblacionOrdenada(1:numeroCromosomasElitistas,:);
historialApto(i,:) = cromosomasElitistas(1,:);

end;

disp(['Solución: x = ' num2str(historialApto(numeroIteraciones,1))...
' y = ' num2str(historialApto(numeroIteraciones,2))
' z = ' num2str(evaluacionOrdenada(1))]);

return;

%Esta función es utilizada por la rutina 'algoritmoGenetico.m' para evaluar
%la función a maximizar.

function resultadoEvaluacion = funcionObjetivo(x,y)

resultadoEvaluacion = exp(-(x.^2 + y.^2));
resultadoEvaluacion = -1*(x.^2+y.^2-cos(12*x)-cos(18*y)); %Función de Rastrigin
resultadoEvaluacion = sinc(x).*sinc(y);
resultadoEvaluacion = -(x.^2 + y.^2) + 10;
resultadoEvaluacion = -1*((1-x).^2 + 100*(y-x.^2).^2); %Función de Rosenbrock
resultadoEvaluacion = peaks(x,y);

return;

```

E.2. Promedio Óptimo

```
%Esta funcion obtiene el promedio optimo de un conjunto de epocas de un
%estudio de potenciales evocados auditivos de latencia media. El estudio a
%ser analizado se especifica mediante los siguientes parametros:
%
%inicialesRegistro = Dos caracteres que indican las iniciales bajo las que
%esta almacenado el registro.
%
%frecuenciaEstimulacion = Frecuencia de estimulacion utilizada durante el
%estudio [500, 1000, 2000, 3000]Hz.
%
%intensidadEstimulacion = Intensidad de estimulacion utilizada duante el
%estudio [-5, 0, 5 ,10 ,15, 20, 25,30, 40]dBHL.
%
%oidoEstimulado = Oido que fue estimulado durante el estudio ['I', 'D'].
%
%canalEEG = Canal del registro electroencefalografico a ser analizado
%[1,2].
%
%funcionCosto = Funcion de costo a ser utilizada: 'fsp',
%'ordenamientoEspectral' y 'ordenamientoEspectralVarianza'
%
%parametrosFuncionCosto = Vector que contiene los parametros de la funcion de costo.
%
%Para cada una de las funciones de costo los parámetros son los siguientes:
% 'fsp' los parametros son [inicioVentana, finVentana, puntoSP].
% 'ordenamientoEspectral' los parametros son [matrizDatos, fmOptima].
% 'ordenamientoEspectralVarianza' los parametros son [matrizDatos, fmOptima].

function promedioOptimo(inicialesRegistro, frecuenciaEstimulacion,
intensidadEstimulacion, oidoEstimulado, canalEEG, funcionCosto, parametrosFuncionCosto)

%Cargar estudio de potenciales evocados
    cargarEstudioPEALM;

%Establecer parámetros del algoritmo genético
    parametrosAlgoritmoGenetico;

%Ejecutar algoritmo genético
    algoritmoGenetico;

%Identificar épocas seleccionadas mediante clasificación empírica,
%algoritmo genético y rechazo por umbral
    identificarEpocasSeleccionadas;

%Calcular promedio de épocas seleccionadas mediante clasificación empírica,
%algoritmo genético y rechazo por umbral
    calcularPromediosIDKLT;

%Calcular similaridad entre promedios
    calcularSimilaridad;

%Graficar resultados
    graficarResultados;
```

```
%Generar reporte
    generarReporte;
```

E.3. Cargar estudio de PEALM

```
%Esta rutina carga los datos del estudio de Potenciales Evocados Auditivos
%de Latencia Medica contenidos en el registro especificado por los
%parámetros recibidos por la función 'promedioOptimo'.

%Cargar datos del registro
    [matrizDatos, clasificacionEmpirica, fm, npnts, nombreRegistro] =
    cargarDatos(inicialesRegistro, frecuenciaEstimulacion, intensidadEstimulacion,
    oidoEstimulado, canalEEG);

    matrizDatosOriginal = matrizDatos;

%Determinar borde espectral del 99% para el 90% de las épocas
    bordeEstimado = estimarAnchoBanda(matrizDatos, 20E3, 0.99, 0.90, 0);

%Realizar submuestreo óptimo
    fmOptima = ceil(bordeEstimado*2);
    relacionRemuestreo = ceil(20E3/(fmOptima));
    matrizDatos = matrizDatos(:, (1:relacionRemuestreo*npnts));
    numeroEpocas = size(matrizDatos,1);
    numeroPuntos = size(matrizDatos,2);

%Remover media de cada epoca
    medias = mean(matrizDatos)';
    matrizDatos = matrizDatos - repmat(medias, 1, numeroPuntos);
```

E.4. Parámetros algoritmo genético

```
%Esta rutina establece los parámetros bajo los cuales se va a ejecutar el
%algoritmo genético

    umbralRechazo = 10; %Umbral de rechazo en uV
    numeroIteraciones = 500; %Numero maximo de iteraciones
    numeroCromosomas = 100; %Numero de cromosomas
    epocasGen = 1; %Numero de epocas representadas por cada gen
    numeroCromosomasElitistas = 20; %Numero de cromosomas elitistas
    probabilidadCruce = 0.8; %Probabilidad de que dos cromosomas se crucen
    probabilidadMutacion = 0.2; %Probabilidad de mutacion de un gen en un cromosoma
    numeroGenes = (numeroEpocas - mod(numeroEpocas,epocasGen))/epocasGen;
```

E.5. Algoritmo genético

```
%Esta rutina ejecuta el algoritmo genético.

%Formar grupos aleatorios de épocas asignadas a cada gen
```

```

matrizGrupos = formarGrupos(numeroEpocas,epocasGen);

%Inicializar variables
cromosomasElitistas = [];
historialFuncionCosto = zeros(numeroIteraciones,1);
historialFuncionCosto2 = zeros(numeroIteraciones,1);
valorFuncionCosto = 0;
valorFuncionCosto2 = 0;

%Iniciar iteraciones
tiempoInicial = cputime;
i = 0;
while((i<numeroIteraciones))

    i= i + 1;

    %Desplegar avance del algoritmo
    clc;
    disp(['Calculando iteracion ' num2str(i) ' de '
num2str(numeroIteraciones)]);

    disp(['Valor de la funcion de costo (ponderada) ' funcionCosto ' = '
num2str(valorFuncionCosto)]);

    disp(['Valor de la funcion de costo (sin ponderación) ' funcionCosto2 ' = '
num2str(valorFuncionCosto2)]);

    %Generar poblacion
    poblacion = generarPoblacion(numeroCromosomas, numeroGenes,
cromosomasElitistas);

    %Cruce y mutacion
    poblacion = cruceMutacion(poblacion, numeroCromosomasElitistas,
probabilidadCruce, probabilidadMutacion);

    %Evaluar poblacion y obtener cromosomas elitistas
    [cromosomasElitistas, valorFuncionCosto, valorFuncionCosto2] =
evaluarPoblacion(matrizDatos, poblacion, matrizGrupos,
numeroCromosomasElitistas, funcionCosto, parametrosFuncionCosto,
[], fmOptima);

    %Actualizar historial de la función de costo
    historialFuncionCosto(i) = valorFuncionCosto;
    historialFuncionCosto2(i) = valorFuncionCosto2;
end

tiempoProcesamiento = (cputime - tiempoInicial)/60;

```

E.6. Identificar épocas seleccionadas

```

%Esta rutina identifica las epocas seleccionadas por el algoritmo genetico
%a partir de la matriz de grupos y el cromosoma de la ultima iteracion, del
% mismo modo calcula el numero de epocas seleccionadas por el algoritmo
%genetico y por la clasificacion empirica.

```



```

%Identificar de épocas seleccionadas por el algoritmo genético
    columnas = (1:numeroGenes).*cromosomasElitistas(1,:);
    columnas = columnas(columnas~=0);
    indices = matrizGrupos(:,columnas);
    epocasUtilizadas = indices(:);
    numeroEpocasUtilizadas = length(epocasUtilizadas);
    numeroEpocasEmpirico = length(find(clasificacionEmpirica==1));

%Seleccionar de epocas por rechazo por umbral
    maximos = max(abs(matrizDatosOriginal)');
    indicesUmbral = find(maximos<umbralRechazo);
    numeroEpocasUmbral = length(indicesUmbral);

    indicesUmbralBis = zeros(numeroEpocas, 1);
    indicesUmbralBis(indicesUmbral) = 1;
    indicesUmbral = indicesUmbralBis;

%Calcular matriz de confusion entre clasificacion empirica y clasificacion
%por algoritmo genético.
    vectorEU = zeros(length(clasificacionEmpirica),1);
    vectorEU(epocasUtilizadas) = 1;

    tp = sum(vectorEU & clasificacionEmpirica);
    tn = sum(not(vectorEU) & not(clasificacionEmpirica));

    fp = sum(not(clasificacionEmpirica) & vectorEU);
    fn = sum(clasificacionEmpirica & not(vectorEU));

```

E.7. Calcular promedio y Transformada Inversa de Karhunen - Loève

```

%Esta rutina calcula los promedios de epocas seleccionadas por el algoritmo
%genético (promedioOptimizado), seleccionEmpirica(promedioEmpirico),
%rechazo por umbral (promedioUmbral) y promedio de toda la matriz de
%datos (promedioNoOptimizado).
%Por otra parte reconstruye el PEALM a través de la combinación lineal de
%eigenvectores. Si la variable criterioReconstruccion es igual a 0, se
%utiliza el criterio de Akaike para reconstruir el PEALM, en caso
%contrario se utiliza el criterio espectral.

criterioReconstruccion = 0;

%Calcular promedio de épocas seleccionadas por el algoritmo genético,
%criterio empírico y rechazo por umbral así como el promedio de todas las
%épocas sin criterio de selección.

    promedioOptimizado = mean(matrizDatosOriginal(epocasUtilizadas,:));
    promedioNoOptimizado = mean(matrizDatosOriginal);
    promedioEmpirico = mean(matrizDatosOriginal(clasificacionEmpirica==1,:));
    promedioUmbral = mean(matrizDatosOriginal(indicesUmbral==1,:));

%Calcular SVD de matriz de épocas seleccionadas por el algoritmo genético

    promedioOptimizadoSubmuestreado = mean(matrizDatos(epocasUtilizadas,:))';

```

```

[u, eigenValores, eigenVectores] = svd(matrizDatos(epocasUtilizadas,:));
eigenValores = (1/(numeroEpocas))*diag(eigenValores.^2);

%Identificar funciones base del subespacio de señal mediante el criterio de
%Akaike

N = numeroPuntos;
K = numeroEpocas;
akaike = zeros(N-1,1);
mdl = zeros(N-1,1);
eigenValores = flipud(eigenValores);
for M=1:N-1
    eigenValoresM = eigenValores((M+1):N);
    mediaGeometrica = prod(eigenValoresM)^(1/(N-M));
    mediaAritmetica = (1/(N-M))*sum(eigenValoresM);

    rho = mediaGeometrica/mediaAritmetica;

    akaike(M) = -2*K*(N - M)*log(rho) + 2*M*(2*N - M);
    mdl(M) = -K*(N-M)*log(rho) + 0.5*M*(2*N-M)*log(K);

end

dimension = find(akaike == min(akaike));
dimensionSubespacioSenal = numeroPuntos - dimension + 1;
indicesBases = 1:(dimensionSubespacioSenal);
eigenValores = flipud(eigenValores);
vectoresBase = eigenVectores(:,indicesBases);

%Aplicar filtro de blanqueo al promedio obtenido a partir de las épocas
%seleccionadas por el algoritmo genético

[parametros, sigmaCuad, coefReflex] =
levinsondurbin(promedioOptimizadoSubmuestreado, 'akaike');

promedioOptimizadoBlanqueado = filter(parametros,1, promedioOptimizadoSubmuestreado);

%Calcular coeficientes de ponderación
wkk = (exp(-2*sigmaCuad./(eigenValores-sigmaCuad)));
coeficientesBase = diag(wkk(indicesBases));

%Estimar Potencial Evocado mediante la combinación lineal de funciones base
%ponderadas
s = vectoresBase*coeficientesBase*vectoresBase'*promedioOptimizadoBlanqueado;

%Revertir blanqueo
promedioDKLT = filter(1, parametros, s);

%Interpolar estimación del Potencial Evocado mediante splines

tiempoRemuestreo = linspace(0,75, numeroPuntos);
baseTiempo = linspace(0, 75, 1500);
promedioDKLT = spline(tiempoRemuestreo, promedioDKLT, baseTiempo);

```

E.8. Cargar datos

```

%Esta funcion lee los datos registrados durante un estudio de potenciales
%evocados.
%
%La funcion recibe los siguientes parametros:
%
% inicialesRegistro      —> Indica las iniciales del registro a ser cargado
% frecuenciaEstimulacion —> Indica la frecuencia de estimulacion
% intensidadEstimulacion —> Indica la intensidad de estimulacion
% oidoEstimulado        —> Indica el oido sobre el cual se realizo la
%                        estimulacion
% canalEEG              —> Canal del EEG que sera analizado
%
%La funcion regresa los siguientes vectores y matrices:
%
% matrizDatos           —> Matriz MxN que contiene las epocas del
%                        registro (M = numero de epocas, N = longitud
%                        del registro)
% clasificacionEmpirica —> Vector de dimension M que indica si la
%                        epoca correspondiente en 'matrizDatos'
%                        fue aceptada o rechazada
%                        empiricamente.
% fm                    —> Frecuencia de muestreo utilizada en la
%                        conversion A/D del EEG.
% npnts                 —> Longitud del registro (npnts = N)
% nombreRegistro        —> Nombre del registro cargado
%
%Nota: La funcion asume que los registros estan almacenados bajo nombres
%que tienen el siguiente formato:
%
%      inicialesRegistro '_' frecuenciaEstimulacion '_' intensidadEstimulacion
%      '_' oidoEstimulado .eeg
%
%      Nota: 'inicialesRegistro' es una cadena de dos caracteres

function [matrizDatos, clasificacionEmpirica, fm, npnts, nombreRegistro] =
cargarDatos(inicialesRegistro, frecuenciaEstimulacion, intensidadEstimulacion,
oidoEstimulado, canalEEG)

%Determinar nombre de archivo a partir de la frecuencia, intensidad,
%oído estimulado y canal de adquisición de EEG especificados
nombreRegistro = [inicialesRegistro '_' num2str(frecuenciaEstimulacion) '_'
num2str(intensidadEstimulacion) '_' oidoEstimulado '.eeg'];

%Abrir archivo en formato propietario Neuroscan
[signal, accept, typeeeg, rt, response, chan.names, pnts, nsweeps,
rate, xmin, xmax]=loaddeeg(nombreRegistro);

%Convertir datos a una matriz MxN
signal = reshape(signal,2,pnts,nsweeps);
signal1 = squeeze(signal(1,:,:));
signal2 = squeeze(signal(2,:,:));
signal = zeros(2,nsweeps,pnts);

```

```

signal(1, :, :) = signal1';
signal(2, :, :) = signal2';

```

```

%Almacenar matriz de datos, clasificación empírica de épocas, frecuencia
%de muestreo, número de puntos y nombre del registro
matrizDatos = squeeze(signal(canalEEG, :, :));
clasificacionEmpirica = accept';
fm = rate;
npnts = pnts;

```

E.9. Estimar ancho de banda

```

%Esta función determina el borde espectral de un conjunto de épocas. La
%función recibe los siguientes datos:
%
% matrizDatos: matriz MxN cuyos renglones contienen las épocas de EEG del
% registro y sus columnas contienen los puntos de las épocas.
%
% fm: frecuencia de muestreo de las épocas
%
% porcentajeEnergia: fracción de la energía que se utiliza como base para
% determinar el borde espectral, este valor debe estar en el intervalo
% (0,1]
%
% percentil: percentil que se utilizará para determinar el borde
% espectral del conunto de épocas
%
% banderaGraficar: bandera que ordena a la rutina graficar (1) o no (0)
% la transformada discreta de Fourier de las épocas.
%
% La función regresa la frecuencia de borde espectral en
% en la variable 'bordeEspectralEstimado'.

```

```

function bordeEspectralEstimado = estimarAnchoBanda(matrizDatos, fm,
porcentajeEnergia, percentil, banderaGraficar)

```

```

tiempoInicial = cputime;
numeroEpocas = size(matrizDatos,1);
numeroPuntos = size(matrizDatos,2);

```

```

%Modular amplitud de épocas con envolvente Hamming
ventanaHamming = hamming(numeroPuntos)';
ventanaHamming = repmat(ventanaHamming, numeroEpocas, 1);
matrizDatos = matrizDatos.*ventanaHamming;

```

```

%Calcular la Transformada Discreta de Fourier de cada época

```

```

%Esta matriz contiene en su i-ésima fila la magnitud de la TDF de la
%i-ésima época de matrizDatos.
matrizTDF = abs(fft(matrizDatos', numeroPuntos))';
longitudDFTUnilateral = floor(numeroPuntos/2);
matrizTDF = matrizTDF(:, 1:longitudDFTUnilateral);

```

```

%Estimar borde espectral de cada época

```

```

energiaTotal = (1/numeroPuntos).*sum((matrizTDF.^2)');
energiaParcial = (1/numeroPuntos).*cumsum((matrizTDF.^2)');
cocienteEnergia = energiaParcial./repmat(energiaTotal, 1,
longitudDFTUnilateral);

indiceBordeEspectral = zeros(numeroEpocas,1);

for a=1:numeroEpocas
    for b=1:longitudDFTUnilateral
        if(cocienteEnergia(a,b)>=porcentajeEnergia)
            indiceBordeEspectral(a) = b;
            break;
        end
    end
end

%Determinar ancho de banda de cierto percentil de las épocas
nBins = 100;
[histograma, valoresBorde] = hist(indiceBordeEspectral,nBins);

funcionDensidad = histograma./numeroEpocas;
funcionDistribucion = cumsum(funcionDensidad);

indicesPercentil = find(funcionDistribucion>=percentil);
indiceBordeEspectralEstimado = valoresBorde(indicesPercentil(1));
bordeEspectralEstimado = indiceBordeEspectralEstimado*
fm/(2*longitudDFTUnilateral);

%Presentar gráfica de la Transformada Discreta de Fourier de cada época
%indicando el ancho de banda que se determinó
if(banderaGraficar>0)

    vectorFrecuencia = linspace(0, pi, longitudDFTUnilateral)*fm/(2*pi);
    vectorIndices = 1:numeroEpocas;

    figure; hold on;
    maximoEjeX = (1:ceil(indiceBordeEspectralEstimado*2));
    imagesc(vectorFrecuencia(maximoEjeX), vectorIndices,
matrizTDF(:,maximoEjeX))

    axis([0 2*bordeEspectralEstimado 0 numeroEpocas])
    colorbar;
    stem(bordeEspectralEstimado, numeroEpocas, 'g', 'LineWidth', 4);
    shading interp;

    %Dar formato a ejes
    xlabel(['f [Hz]']); ylabel(['Numero de epoca']); title(['|TDF|']);

    text(bordeEspectralEstimado*1.05, ceil(numeroEpocas/2), ['B.E.
' num2str(porcentajeEnergia*100) '%@ ' num2str(bordeEspectralEstimado)
' Hz'],

'Color', 'g', 'FontSize', 12)

h_xlabel = get(gca,'XLabel');
set(h_xlabel,'FontSize',14);
h_ylabel = get(gca,'YLabel');
```

```

set(h_ylabel, 'FontSize', 14);
h_title = get(gca, 'Title');
set(h_title, 'FontSize', 14);
set(1, 'Color', 'w')
end

```

E.10. Generar población

```

%Esta funcion genera una matriz de entradas binarias que representa una
%poblacion de cromosomas.
%
%La funcion recibe los siguientes parametros:
%
% numeroCromosomas    --> Numero de cromosomas o individuos que componen
%                      la poblacion.
% numeroGenes         --> Numero de genes que contiene cada cromosoma.
% cromosomasElitistas --> Matriz binaria de dimensiones kxM que contiene
%                      los cromosomas
%                      elitistas que seran incluidos en la poblacion.
%                      Si no se han obtenido
%                      cromosomas elitistas aun, debe enviarse una
%                      matriz vacia '[]' y la
%                      funcion generara cromosomas aleatorios en su lugar.
%
% Nota: N = numeroCromosmas, M = numeroGenes, k = numero de cromosomas elitistas
%
%La funcion regresa la siguiente matriz:
%
% poblacion           --> Matriz de dimensiones NxM que contiene los
% cromosomas de la nueva poblacion. Los primeros k elementos corresponden
% a los cromosmas elitistas al igual que los k+1:2k elementos. Los
% elementos restantes corresponden a cromosomas aleatorios con los k cromosomas
% elitistas distribuidos aleatoriamente entre ellos.

function poblacion = generarPoblacion(numeroCromosomas, numeroGenes,
cromosomasElitistas)

%Generar poblacion aleatoria
poblacion = round(rand(numeroCromosomas, numeroGenes));

%Copiar cromosomas elitistas a la nueva poblacion
numeroCromosomasElitistas = size(cromosomasElitistas,1);
if(numeroCromosomasElitistas > 0) %Verificar que ya existan cromosomas elitistas

    %Copiar cromosomas elitistas a la seccion de no cruce
    poblacion(1:numeroCromosomasElitistas,:) = cromosomasElitistas;

    %Copiar cromosomas elitistas a la seccion de cruce entre si
    poblacion((numeroCromosomasElitistas + 1):(2*numeroCromosomasElitistas),:)
    = cromosomasElitistas;

%Mezclar cromosomas elitistas entre la nueva población
espacioIndices = (2*numeroCromosomasElitistas + 1):numeroCromosomas;
indicesChusma = randperm(length(espacioIndices));
espacioIndices = espacioIndices(indicesChusma);

```

```

    indicesReemplazo = espacioIndices(1:numeroCromosomasElitistas);
    poblacion(indicesReemplazo,:) = cromosomasElitistas;

end

```

E.11. Cruce y mutación

```

function poblacion = cruceMutacion(poblacion, numeroCromosomasElitistas,
    probabilidadCruce, probabilidadMutacion)

    numeroCromosomas = size(poblacion,1);
    numeroGenes = size(poblacion,2);

    %Cruce y mutacion
    for a = (numeroCromosomasElitistas + 1): 2 :(numeroCromosomas - 1)

        %Efectuar cruce?
        if(rand(1)>(1-probabilidadCruce))

            %Determinar aleatoriamente el punto de cruce
            posicionCruce = ceil(rand(1)*(numeroGenes-1));

            %Intercambiar genes entre cromosomas consecutivos
            cromosomaOriginalA = poblacion(a,:);
            cromosomaOriginalB = poblacion(a+1,:);
            poblacion(a,:) = [cromosomaOriginalA(1:posicionCruce)
                cromosomaOriginalB(posicionCruce+1:numeroGenes)];

            poblacion(a+1,:) = [cromosomaOriginalB(1:posicionCruce)
                cromosomaOriginalA(posicionCruce+1:numeroGenes)];

        end

        %Efectuar mutación?
        if (round(rand(1)))

            %Determinar aleatoriamente el punto de mutación
            posicionMutacion = ceil(rand(1)*(numeroGenes));

            %Negar gen en el punto de mutación
            poblacion(a,posicionMutacion) =
                xor(poblacion(a,posicionMutacion),1);

            poblacion(a+1,posicionMutacion) =
                xor(poblacion(a+1,posicionMutacion),1);

        end

    end
end

```

E.12. Evaluar población

```

%Esta funcion evalua un conjunto de cromosomas de acuerdo con una
%funcion de costo.

```

```

%
%La funcion recibe los siguientes parametros:
%
% matrizDatos           -> Matriz de epocas
% poblacion             -> Matriz de cromosomas de la poblacion
% matrizGrupos         -> Matriz de grupos que codifica cada
%                       subconjunto de
%                       epocas de cada gen en sus columnas.
% numeroCromosomasElitistas -> Numero de cromosomas elitistas en la
%                       poblacion
% funcionCosto          -> Funcion de costo con la que sera
%                       evaluada la poblacion.
% parametrosFuncionCosto -> Vector de parametros para la funcion de
%                       costo
% clasificacionEmpirica -> Vector de rechazo empirico de epocas

function [cromosomasElitistas, valorFuncionCosto, valorFuncionCosto2] =
evaluarPoblacion(matrizDatos, poblacion, matrizGrupos, numeroCromosomasElitistas,
funcionCosto, parametrosFuncionCosto, clasificacionEmpirica, fmOptima)

%Inicializar variables
numeroCromosomas = size(poblacion,1);
numeroGenes = size(poblacion,2);
adaptacion = zeros(numeroCromosomas,1);
adaptacion2 = zeros(numeroCromosomas,1);

%Evaluacion de la poblacion
for a=1:numeroCromosomas

%Extraer de la matriz de datos las épocas especificadas por el
%gen que está
%siendo evaluado (si se detecta que la función ha recibido el
%vector de clasificación empírica entonces la matriz de datos
%corresponde a la matriz formada por las épocas seleccionadas
%empíricamente)
if (length(clasificacionEmpirica)==0)
    columnas = (1:numeroGenes).*poblacion(a,:);
    columnas = columnas(columnas~=0);
    indices = matrizGrupos(:,columnas);
    indices = indices(:);
    registro = matrizDatos(indices,:);
else
    registro = matrizDatos(clasificacionEmpirica==1,:);
end

switch funcionCosto

%Evaluar población mediante la función de calidad FSP
case 'fsp'

    inicioFSP = parametrosFuncionCosto(1);
    finFSP = parametrosFuncionCosto(2);
    puntoSP = parametrosFuncionCosto(3);
    [valorFSP valorFSPPonderado] =
    fsp(registro, inicioFSP, finFSP, puntoSP, fmOptima);

```



```

    adaptacion(a) = valorFSPPonderado;
    adaptacion2(a) = valorFSP;

    %Evaluar población mediante la función de calidad de
    %ordenamiento espectral por cociente
    case 'ordenamientoEspectralCociente'
        energiaBordeEspectral = parametrosFuncionCosto(1);
        beFuncionesBase = parametrosFuncionCosto(2);
        [snr, snrPonderada] =
        ordenamientoEspectralCociente(registro, fmOptima,
        energiaBordeEspectral, beFuncionesBase);

        adaptacion(a) = snrPonderada;
        adaptacion2(a) = snr;

    %Funcion de costo invalida
    otherwise

        adaptacion(a) = 0;
        adaptacion2(a) = 0;

    end

end

%Identificar cromosomas de mayor calidad a través del valor de la
%función de costo (si se detecta que la función ha recibido el
%vector de clasificación empírica entonces no se detecta ningún
%conjunto de cromosomas elitistas
if (length(clasificacionEmpirica)==0)
    [valoresAptos,indicesAptos] = sort(adaptacion);
    indicesElitistas = indicesAptos((numeroCromosomas-
    numeroCromosomasElitistas+1):
    numeroCromosomas);

    cromosomasElitistas = poblacion(indicesElitistas,:);
    valorFuncionCosto = max(adaptacion);
    indiceMax = find(adaptacion==max(adaptacion));
    valorFuncionCosto2 = adaptacion2(indiceMax(1));

else
    cromosomasElitistas = [];
    valorFuncionCosto = max(adaptacion);
    indiceMax = find(adaptacion==max(adaptacion));
    valorFuncionCosto2 = adaptacion2(indiceMax(1));
end
end

```

E.13. Función de costo FSP

```

%Esta funcion calcula el indice FSP del conjunto de epocas dadas por la
%matriz 'registro' (epocas acomodadas por filas) sobre la ventana de
%tiempo indicada por el tiempo inicial 'ti' y el tiempo final 'tf' y el
%tiempo sp indicado por 'punto'. Todos los tiempos estan dados en ms.

```

```

function [valorFSP valorFSPPonderado] = fsp(registro, ti, tf, punto, fmOptima)

%Definir parámetros de función de ponderación para colocar el máximo de la función
%costo en 300 épocas
    muED = 300;
    sigmaED = 100;

%Definir parámetros para el cálculo del índice FSP

    fmKHZ = fmOptima/1E3;
    indiceInicial = round(ti*fmKHZ);
    indiceFinal = round(tf*fmKHZ);
    indiceSP = round(punto*fmKHZ);
    numeroEpocas = size(registro,1);

%Calcular varianza promedio de ensamble dentro de la ventana definida por
%puntos ti y tf
    mediaEpocas = mean(registro(:,indiceInicial:indiceFinal));
    varianzaPromedio = var(mediaEpocas);

%Calcular varianza del punto SP
    puntosSP = registro(:,indiceSP);
    varianzaSP = var(puntosSP);

%Calcular índice FSP ponderado por la envolvente gaussiana
    envolventeGaussiana = (1/(sigmaED*sqrt(2*pi)))*
    exp(-((numeroEpocas - muED).^2)/(2*sigmaED.^2));

    valorFSP = varianzaPromedio/(varianzaSP+eps);
    valorFSPPonderado = envolventeGaussiana*varianzaPromedio/(varianzaSP+eps);

```

E.14. Función de costo Ordenamiento espectral por cociente

```

%Esta función calcula el índice de relación señal a ruido de un conjunto de
%épocas a partir de la magnitud de los eigenvectores de la matriz de
%correlación (o lo que es lo mismo, los valores singulares de la matriz de
%datos).
%
%La función recibe los siguientes parámetros:
%
% matrizDatos          —> Matriz de épocas
%
% fmOptima             —> Frecuencia de muestreo de las épocas
% (esta frecuencia se calcula como la frecuencia de muestreo óptima para
% el registro).
%
% energiaBordeEspectral —> Fracción de energía para la cual se
% buscará la frecuencia del borde espectral. Este parámetro está acotado
% al intervalo (0,1].
%
% beFuncionesBase      —> Frecuencia del borde espectral a la
% cual se discrimina la pertenencia de un eigenvector a las funciones
% base del potencial evocado.

```

```

%
%La funcion regresa el indice de relacion señal a ruido calculado como el
%cociente de la suma de los eigenvectores con borde espectral menor a 300Hz y la
%suma de los eigenvectores con borde espectral mayor a 300Hz.

function [snr snrPonderada] = ordenamientoEspectralCociente(matrizDatos,
fmOptima, energiaBordeEspectral, beFuncionesBase)

%Definir parámetros de función de ponderación para colocar el máximo de la función
%costo en 300 épocas
    muED = 300;
    sigmaED = 100;

%Verificar que se cuenta con el numero de epocas adecuado para calcular la
%matriz de autocorrelacion. Recuerdese que es necesario tener un numero de
%epocas mayor igual al numero de puntos.
    numeroEpocas = size(matrizDatos,1);
    numeroPuntos = size(matrizDatos,2);
    if(numeroEpocas < numeroPuntos)
        snr = 0;
        return,
    end

%Calcular SVD de la matriz de datos
    [u, eigenValores, eigenVectores] = svd(matrizDatos);
    eigenValores = (1/(numeroEpocas))*diag(eigenValores.^2);

%Calcular Transformada Discreta de Fourier unilateral de cada eigenvector
    matrizTDF = abs(fft(eigenVectores, numeroPuntos));
    longitudDFTUnilateral = floor(numeroPuntos/2);
    matrizTDF = matrizTDF(1:longitudDFTUnilateral,:);

%Calcular energia acumulada de cada eigenvector
    vectorFrecuenciasTDF = linspace(0, fmOptima, longitudDFTUnilateral);
    energiaAcumulativa = cumsum(matrizTDF.^2)/(numeroPuntos);
    energiaBordeEspectral = energiaBordeEspectral*0.5; %se multiplica por 0.5
    %porque la energia entre 0 y pi es 0.5 para los eigenvectores

%Determinar borde espectral de cada eigenvector
    matrizComparacion = energiaBordeEspectral*ones(longitudDFTUnilateral, numeroPuntos);
    indicesBorde = (energiaAcumulativa>=matrizComparacion);
    encontrarCorte = diff(indicesBorde);
    indicesCorte = encontrarCorte.*(1:(longitudDFTUnilateral-1)); %Se resta uno porque
    %se pierde un indice en la derivacion

    indicesCorte(find(indicesCorte==0)) = longitudDFTUnilateral; %Se hace esto porque
    %algunas sumas acumulativas no alcanzan el valor 'bordeEspectral'

    bordeEspectralEV = vectorFrecuenciasTDF (indicesCorte);

%Identificar eigenvectores con borde espectral dentro del rango de
%aceptación
    indicesBasesSenal = find(bordeEspectralEV <= beFuncionesBase);
    indicesBasesRuido = find(bordeEspectralEV > beFuncionesBase);

%Calcular la relacion señal a ruido ponderada por la envolvente Gaussiana
    envolventeGaussiana = (1/(sigmaED*sqrt(2*pi)))*
    exp(-(numeroEpocas - muED).^2/(2*sigmaED.^2));

```

```
snr = (sum(eigenValores(indicesBasesSenal))./sum(eigenValores(indicesBasesRuido)));
snrPonderada = envolventeGaussiana*snr;
```

E.15. Función de costo Ordenamiento espectral por varianza

```
%snr = ordenaminetoEspectralCociente(matrizDatos, fmOptima)
%
%Esta funcion calcula la varianza de de la magnitud de los eigenvectores de
%alta frecuencia de la matriz de correlacion (o lo que es lo mismo,
%los valores singulares de la matriz de datos) de un conjunto de épocas.
%
%La funcion recibe los siguientes parametros:
%
% matrizDatos          --> Matriz de epocas
%
% fmOptima             --> Frecuencia de muestreo de las epocas
% (esta frecuencia se calculo como la frecuencia de muestreo optima para
% el registro).
%
% energiaBordeEspectral --> Fracción de energía para la cual se
% buscará la frecuencia del borde espectral. Este parámetro está acotado
% al intervalo (0,1].
%
% beFuncionesBase     --> Frecuencia del borde espectral a la
% cual se discrimina la pertenencia de un eigenvector a las funciones
% base del potencial evocado.

function [varianza varianzaPonderada] = ordenamientoEspectralCociente(matrizDatos,
fmOptima, energiaBordeEspectral, beFuncionesBase)

%Definir parámetros de función de ponderación para colocar el máximo de la función
%costo en 300 épocas
muED = 300;
sigmaED = 100;

%Verificar que se cuenta con el numero de epocas adecuado para calcular la
%matriz de autocorrelacion. Recuerdese que es necesario tener un numero de
%épocas mayor igual al numero de puntos.
numeroEpocas = size(matrizDatos,1);
numeroPuntos = size(matrizDatos,2);
if(numeroEpocas < numeroPuntos)
    snr = 0;
    return,
end

%Calcular SVD de la matriz de datos
[u, eigenValores, eigenVectores] = svd(matrizDatos);
eigenValores = (1/(numeroEpocas))*diag(eigenValores.^2);

%Calcular Transformada Discreta de Fourier unilateral de cada eigenvector
matrizTDF = abs(fft(eigenVectores, numeroPuntos));
longitudDFTUnilateral = floor(numeroPuntos/2);
matrizTDF = matrizTDF(1:longitudDFTUnilateral,:);
```

```

%Calcular energia acumulada de cada eigenvector
vectorFrecuenciasTDF = linspace(0, fmOptima, longitudDFTUnilateral);
energiaAcumulativa = cumsum(matrizTDF.^2)/(numeroPuntos);
energiaBordeEspectral = energiaBordeEspectral*0.5;
%se multiplica por 0.5 porque la energia entre 0 y pi es 0.5 para los eigenvectores

%Determinar borde espectral de cada eigenvector
matrizComparacion = energiaBordeEspectral*ones(longitudDFTUnilateral, numeroPuntos);
indicesBorde = (energiaAcumulativa>=matrizComparacion);
encontrarCorte = diff(indicesBorde);
indicesCorte = encontrarCorte.*(1:(longitudDFTUnilateral-1));
%Se resta uno porque se pierde un indice en la derivacion

indicesCorte(find(indicesCorte==0)) = longitudDFTUnilateral;
%Se hace esto porque algunas sumas acumulativas no alcanzan el valor 'bordeEspectral'
bordeEspectralEV = vectorFrecuenciasTDF (indicesCorte);

%Identificar eigenvectores con borde espectral dentro del rango de
%aceptación
indicesBasesSenal = find(bordeEspectralEV <= beFuncionesBase);
indicesBasesRuido = find(bordeEspectralEV > beFuncionesBase);

%Calcular la relacion señal a ruido ponderada por la envolvente Gaussiana
envolventeGaussiana = (1/(sigmaED*sqrt(2*pi)))*
exp(-((numeroEpocas - muED).^2)/(2*sigmaED.^2));

varianza = -var(eigenValores(indicesBasesRuido));
varianzaPonderada = envolventeGaussiana*varianza;

```

E.16. Recursión de Levinson - Durbin

```

%Esta función recibe un vector de datos 'x' y regresa un
%vector 'parametros' que contiene los coeficientes del modelo AR para la señal
%'x' calculados mediante la recursión de Levinson Durbin.
%Por otra parte, regresa en 'sigmaCuad' el valor de la varianza de la estimación.
%El orden del modelo es limitado por el criterio criterio indicado en la
%entrada 'criterioParo' (Akaike, MDL o FPE)

```

```
function [parametros, sigmaCuad, coefReflex] = levinsondurbin(x, criterioParo)
```

```

%Cálculo de la función de correlación del proceso x:
funcionCorrelacion = xcorr(x, 'biased');
funcionCorrelacion2 = fftshift(funcionCorrelacion);

```

```

%Inicialización de la recursión:
coefReflex = 0;
r = funcionCorrelacion2(1);
a = 1;
sigmaCuad = funcionCorrelacion2(length(funcionCorrelacion2));
criterio1 = 0;
criterio2 = 0;
p=1;

```

```
%Inicia recursión
while((criterio2<criterio1) || (p<3))
%Iterar mientras AIC(P) sea una función decreciente.
%La condición p<3 permite que los acumuladores akaikel y akaike2 sean
%inicializados.

    %Primer paso: cálculo de coeficiente de reflexión
    aReversa = flipud(a);
    gammaP = r'*aReversa/sigmaCuad;
    coefReflex(p) = gammaP;

    %Segundo paso: actualización del vector 'a'
    minuendo = [a; 0];
    sustraendo = gammaP.*[0; aReversa];
    a = minuendo - sustraendo;

    %Tercer paso: actualización de sigmaCuad
    sigmaCuad = (1 - abs(gammaP)^2)*sigmaCuad;

    %Actualización del vector 'r'
    r = [r; funcionCorrelacion2(p+1)];

    p=p+1;
    criterio1 = criterio2;
    switch lower(criterioParo)
        case 'fpe'
            %FPE
            criterio2 = ((1+p)/(1-p))*sigmaCuad;
        case 'akaike'
            %Akaike
            criterio2 = length(x)*log(sigmaCuad) + 2*(p);
        case 'mdl'
            %MDL
            criterio2 = log(sigmaCuad) + (p*log(length(x)))/2;
    end
end
parametros = a;
```