



REPÚBLICA DEL ECUADOR

**Escuela Politécnica Nacional**

"E SCIENTIA HOMINIS SALUS"

La versión digital de esta tesis está protegida por la Ley de Derechos de Autor del Ecuador.

Los derechos de autor han sido entregados a la "ESCUELA POLITÉCNICA NACIONAL" bajo el libre consentimiento del (los) autor(es).

Al consultar esta tesis deberá acatar con las disposiciones de la Ley y las siguientes condiciones de uso:

- Cualquier uso que haga de estos documentos o imágenes deben ser sólo para efectos de investigación o estudio académico, y usted no puede ponerlos a disposición de otra persona.
- Usted deberá reconocer el derecho del autor a ser identificado y citado como el autor de esta tesis.
- No se podrá obtener ningún beneficio comercial y las obras derivadas tienen que estar bajo los mismos términos de licencia que el trabajo original.

El Libre Acceso a la información, promueve el reconocimiento de la originalidad de las ideas de los demás, respetando las normas de presentación y de citación de autores con el fin de no incurrir en actos ilegítimos de copiar y hacer pasar como propias las creaciones de terceras personas.

***Respeto hacia sí mismo y hacia los demás.***

# **ESCUELA POLITÉCNICA NACIONAL**

## **FACULTAD DE INGENIERÍA ELÉCTRICA Y ELECTRÓNICA**

### **SELECCIÓN DE CARACTERÍSTICAS DE LA VOZ DE PERSONAS CON PARKINSON, USANDO ALGORITMOS GENÉTICOS**

#### **TRABAJO DE TITULACIÓN PREVIO A LA OBTENCIÓN DEL TÍTULO DE INGENIERO EN ELECTRÓNICA Y TELECOMUNICACIONES**

**JORGE EDUARDO CORREA PILLAJO**

**jorge.correa@epn.edu.ec**

**DIRECTOR: ING. JOSÉ ADRIÁN ZAMBRANO MIRANDA MSc.**

**jose.zambrano@epn.edu.ec**

**Quito, julio 2019**

## **AVAL**

Certifico que el presente trabajo fue desarrollado por Jorge Eduardo Correa Pillajo, bajo mi supervisión.

---

**MSc. JOSÉ ADRIÁN ZAMBRANO MIRANDA**  
**DIRECTOR DEL TRABAJO DE TITULACIÓN**

## **DECLARACIÓN DE AUTORÍA**

Yo, Jorge Eduardo Correa Pillajo, declaro bajo juramento que el trabajo aquí descrito es de mi autoría; que no ha sido previamente presentado para ningún grado o calificación profesional; y, que he consultado las referencias bibliográficas que se incluyen en este documento.

A través de la presente declaración dejo constancia de que la Escuela Politécnica Nacional podrá hacer uso del presente trabajo según los términos estipulados en la Ley, Reglamentos y Normas vigentes.

---

JORGE EDUARDO CORREA PILLAJO

## **DEDICATORIA**

Este proyecto de titulación va dedicado con mucho cariño para mis padres Lourdes y Jorge, quienes me han guiado, cuidado y sobre todo han confiado en mí durante toda mi carrera, en los buenos y malos momentos han estado de mi lado y han sido un pilar fundamental en la conclusión de esta etapa de mi vida. Son unos padres admirables.

A mi hermana Gissela, por ser una hermana ejemplar, su paciencia, cariño, compañía, bromas y sus valiosos consejos que me han permitido concluir con éxito este trabajo de titulación.

A mi mamita Angelita, que siempre confió en mí y la tengo muy presente en mi corazón.  
¡Lo logramos!

A mi querida Aby, por ser parte de este proceso y a pesar de las dificultades estar a mi lado, por su amor incondicional, paciencia y comprensión.

## **AGRADECIMIENTO**

Agradezco a Dios, por sus bendiciones, por la salud y por permitirme culminar esta etapa importante en mi vida rodeado de las personas que más amo en el mundo.

A mis padres Lourdes y Jorge, quienes me han inculcado grandes valores y me han enseñado la importancia de la perseverancia, constancia y sacrificio. Por enseñarme a no rendirme y a seguir sin importar las circunstancias, son un ejemplo de vida y de amor puro.

A mi hermana Giss, su carisma y su vitalidad me han dado animo cuando las cosas parecían derrumbarse, por su amor de hermana y su influencia en el hogar para que todas las cosas tengan un toque de felicidad.

A mi querida Aby, quien me ha brindado no solo su amor, sino también su compañía en los momentos más difíciles, siendo parte importante en este proceso.

Gracias Ing. Adrián Zambrano, por compartir conmigo sus conocimientos, la paciencia que ha tenido durante el desarrollo de este proyecto de titulación y sobre todo por permitirme ser su tesista.

A la Escuela Politécnica Nacional, por todo lo que me ha brindado en este largo camino y por permitirme dejar en alto su nombre en el ámbito deportivo.

A mis amigos del futbol, del futbol sala y atletismo de electrónica, RFC, Jamaicas y amigos de almuerzo, por permitirme compartir grandes momentos durante estos años llenos de triunfos y alegrías.

Por último, pero no menos importante a Gio, Pao y Sammy quienes supieron brindarme su apoyo en los momentos más difíciles y espero seguir manteniendo esa amistad por muchos años

# ÍNDICE DE CONTENIDO

AVAL .....	I
DECLARACIÓN DE AUTORÍA.....	II
DEDICATORIA.....	III
AGRADECIMIENTO.....	IV
ÍNDICE DE CONTENIDO.....	V
RESUMEN .....	VII
ABSTRACT .....	VIII
1 INTRODUCCIÓN.....	1
1.1 OBJETIVOS .....	2
1.2 ALCANCE .....	3
1.3 MARCO TEÓRICO.....	3
1.3.1 LA ENFERMEDAD DE PARKINSON.....	3
1.3.2 SISTEMA FONATORIO.....	5
1.3.3 CARACTERÍSTICAS ACÚSTICAS DE LA VOZ .....	6
1.3.4 CORRELACIÓN DE LA ENFERMEDAD DE PARKINSON Y LA VOZ . .....	14
1.3.5 ALTERACIONES DEL CONTROL MOTOR EN EL HABLA PARKINSONIANA .....	15
1.3.6 ALTERACIONES DE LA FONACIÓN.....	16
1.3.7 ALGORITMOS GENÉTICOS.....	17
1.3.8 ALGORITMOS GENÉTICOS EN MATLAB.....	24
1.3.9 CONJUNTO DE DATOS PARA SELECCIÓN DE CARACTERÍSTICAS .....	24
1.3.10 MÉTODOS DE CLASIFICACIÓN Y VALIDACIÓN PARA CARACTERÍSTICAS .....	26
2 METODOLOGÍA .....	32
2.1 DATASET PARA SELECCIÓN DE CARACTERÍSTICAS EN MATLAB..	32
2.1.1 DESCRIPCIÓN DEL CONJUNTO DE DATOS <i>PARKINSON DATA</i> <i>SET</i> .....	32
2.2 CRITERIO DE MÍNIMA REDUNDANCIA Y MÁXIMA RELEVANCIA .....	36
2.2.1 INFORMACIÓN MUTUA.....	37
3 RESULTADOS Y DISCUSIÓN .....	39
3.1 EXPERIMENTOS REALIZADOS .....	39

3.2	COMPARACIÓN CON OTROS MÉTODOS DE SELECCIÓN DE CARACTERISTICAS.....	59
4	CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES.....	60
4.1	CONLCUSIONES.....	60
4.2	RECOMENDACIONES .....	61
5	REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	62
	ANEXOS .....	67



## **RESUMEN**

Hoy en día, la enfermedad de Parkinson (EP) es uno de los padecimientos neurodegenerativos que más afectan a nivel mundial, después del Alzheimer. Cerca de 6.2 millones de personas la padecen y se estima que para el 2040 el número de pacientes con Parkinson se duplicará. A sabiendas de la importancia que representa esta enfermedad, en el país no existe una conciencia y cultura para atender este mal y consecuentemente no existe un dato preciso sobre las personas que padecen esta dolencia. Dentro de los síntomas de la EP, se incluyen la lentitud en los movimientos (bradicinesia), rigidez, temblor, inestabilidad postural, disminución de las expresiones faciales, entre otros, pero se suele confundir estos síntomas con otros relacionados a la edad del paciente. Esta enfermedad no tiene una cura definitiva, se puede realizar un procedimiento quirúrgico que puede reducir algunos de los síntomas asociados con la enfermedad, pero son pocos los pacientes que pueden acceder a este procedimiento por lo que muchos de los pacientes dependen de un tratamiento farmacológico. Este estudio técnico se enfoca en seleccionar las características de la voz que más inciden en el diagnóstico del paciente. Con el fin de medir lo beneficioso de este método, se usarán los algoritmos genéticos en el entorno de Matlab y se realizará una comparación con los resultados obtenidos con otros métodos de selección de características.

**PALABRAS CLAVE:** Parkinson, algoritmo genético, voz, Matlab

## **ABSTRACT**

Nowadays, Parkinson's disease (PD) is one of the neurodegenerative diseases that affects most around the world, just behind Alzheimer's disease. There are about 6.2 million people suffering this disease and it is estimated that in 2040 the number of patients with PD will double. Even when we know the importance of this disease, in our country does not exist a conscience and a culture about it and in consequence there is not an exact data about people who suffer from this ailment. Symptoms of PD include slow movement (bradykinesia), stiffness, tremor, postural instability, decreased facial expressions among others, but it is often confused with patient's age as part of physiological change of them. This disease does not have a definitive cure, even after the surgery that some patients could take in order to reduce the symptoms of PD, the rest of patients must continue with the pharmacologic treatment. This technical study focuses on select the features of the voice that get more incident in the diagnostic of the disease. For this, we are going to use the genetic algorithms in the MATLAB environment, and then, we are going to realize a comparison with other results from different methods of feature selection.

**KEYWORDS:** Parkinson disease, Genetic Algorithm, Matlab, Feature

# 1 INTRODUCCIÓN

La enfermedad de Parkinson (EP) es un trastorno degenerativo del sistema nervioso central la cual pertenece a un grupo de afecciones conocidas como trastornos del movimiento. Esta enfermedad es crónica y progresiva debido a que persiste durante un extenso periodo de tiempo y las células nerviosas se deterioran o mueren en un área cercana a la base del cerebro conocida como sustancia negra donde se produce dopamina [1]. La ausencia de ésta se empieza a denotar con problemas de movimiento (dificultad para caminar), equilibrio, producción del habla, rigidez, trastornos de sueño y otras acciones que impliquen control muscular.

Su causa es desconocida, aunque algunos casos son hereditarios y puede deberse a una susceptibilidad genética o exposición a uno o más factores ambientales [1] [2]. Los sistemas que regulan el control motor alteran la producción de la voz y del habla (el habla es la materialización del lenguaje, es la forma como conversamos; la voz por otro lado es el sonido del habla, es la forma como sonamos.), incluyendo la respiración, articulación y fonación.

Debido a esto se da lugar a un habla monótona de bajo tono e intensidad, temblorosa, con pausas inapropiadas e incluso algunas personas pueden vacilar antes de hablar o arrastrar las palabras. En la actualidad no existen pruebas de sangre o de laboratorio que diagnostiquen la EP razón por la cual los diagnósticos que se realizan se basan en la historia clínica del paciente y en un examen neurológico [3] [30].

Mediante el procesamiento de la señal de voz, es posible extraer un conjunto de parámetros que pueden ayudar a detectar patologías basados en una comparación de las características de la voz obtenidas de personas sanas con respecto a personas enfermas. Por citar algunas características que representan a la voz, se tienen: el Jitter, que es uno de los parámetros principalmente afectado debido a la falta de vibración en las cuerdas vocales, el Shimmer que es una característica de la voz que está asociada a la emisión de ruido, la relación armónicos a ruido (HNR) y ruido a armónicos (NHR) las cuales permiten cuantificar el ruido en una señal de voz, etc.

No existe un consenso en cuanto a qué parámetros son más efectivos que otros [4], [5]; sin embargo, en este proyecto, la selección de características de la voz en personas que padecen la EP se resolverá haciendo uso de los algoritmos genéticos, enfocándonos en aquellas que tengan mayor relevancia o influencia en la detección de la enfermedad, pero que al mismo tiempo no presenten redundancia en la información. Los algoritmos genéticos son métodos de búsqueda heurísticos que usan la teoría de la evolución biológica de

Darwin para la resolución de problemas. Los algoritmos hacen evolucionar una población de individuos en base a acciones aleatorias semejantes a las que actúan en la evolución biológica, así como también a una selección de acuerdo con algún criterio en función del cual se decide cuáles son los individuos más adaptados, que son los que sobreviven, y los menos aptos, que son los que se descartarán [4] [5].

Este estudio técnico busca ser un aporte en la resolución del problema de la detección de la EP haciendo uso de la voz. Cabe recalcar que este estudio está enfocado en la selección de las características de la voz para poder determinar la EP; no se enfoca en los métodos de clasificación que determinan si un paciente padece o no esta enfermedad como se muestra en la Figura 1.1.



**Figura 1.1.** Etapas de análisis de voz para determinar la EP

Puesto que la producción de la voz es afectada en etapas tempranas de la EP, el diagnóstico de esta enfermedad a través de la voz también es más anticipado con relación a otros métodos de detección [5].

Este tipo de diagnóstico de la enfermedad permitirá abaratar costos tanto para el paciente como para los sistemas gubernamentales de salud y, al mismo tiempo, se haría uso de técnicas no invasivas que serán capaces de detectar la enfermedad en etapas tempranas para, de este modo, aplicar los tratamientos adecuados a los pacientes, mejorando su calidad de vida y la de sus familiares.

## **1.1 OBJETIVOS**

### **1.1.1 Objetivo general**

Seleccionar las características de la voz que permitan detectar la enfermedad de Parkinson haciendo uso de algoritmos genéticos.

### **1.1.2 Objetivos específicos**

- Recopilar y analizar bases de datos confiables para realizar la extracción de muestras de voz para hacer uso de éstas en conjunto con los algoritmos genéticos.
- Implementar algoritmos genéticos en el entorno de MATLAB.
- Analizar la fiabilidad de los resultados obtenidos.

## **1.2 ALCANCE**

Con base en diferentes estudios e investigaciones, se ha demostrado que ciertas características de la voz pueden proporcionar información que permita realizar un diagnóstico y seguimiento de la enfermedad de Parkinson ya que algunas de estas características tienen una estrecha relación con el comportamiento físico de esta enfermedad.

Se usará el toolbox de algoritmos genéticos en el entorno de MATLAB para realizar la selección de características de la voz entre las obtenidas del conjunto de datos de *UCI Machine Learning Repository* que provee 22 características pertenecientes a la voz de personas sanas y enfermas.

Por último, se verificará la tasa de reconocimiento de la enfermedad con los parámetros seleccionados por los algoritmos genéticos, para realizar una comparación con los resultados obtenidos de otros métodos de selección de características. Se hará uso de un número aproximado de 200 muestras para probar los algoritmos genéticos.

## **1.3 MARCO TEÓRICO**

### **1.3.1 LA ENFERMEDAD DE PARKINSON**

La enfermedad de Parkinson (EP) fue explicada por el médico británico James Parkinson en el año de 1817, después de una observación realizada a seis pacientes que padecían los síntomas típicos de la enfermedad a la cual la denominó “Parálisis Agitante”, a continuación, el neurólogo francés Charcot es quien le dio el nombre de “Enfermedad de Parkinson” [7].

La EP es un proceso neurodegenerativo complejo el cual surge en la edad adulta siendo ésta la segunda enfermedad neurodegenerativa más usual por detrás del Alzheimer, afectando tanto al sexo masculino como al femenino. Se caracteriza clínicamente debido a la lentitud en los movimientos, temblor de reposo, rigidez y porque desencadena alteraciones a nivel de la función cognitiva, depresión y alteraciones en la función del sistema nervioso autónomo. La EP es crónica y progresiva ya que muchos de los síntomas se agravan conforme la enfermedad evoluciona, siendo esta enfermedad indistinta en cada

paciente debido a que cada uno de ellos puede presentar los síntomas de un modo muy variable y por esta razón el tratamiento fisioterapéutico es individual [7] [8].

La EP afecta al sistema nervioso produciendo una degeneración de las neuronas ubicadas en la sustancia negra como se puede observar en la Figura 1.2. Estas neuronas se encargan del movimiento, mismo que se deteriora cuando las células nerviosas no producen la suficiente cantidad de una sustancia química en el cerebro conocida como dopamina [9].

La dopamina es el neurotransmisor más importante dentro del Sistema Nervioso Central, se encarga de transmitir la información entre las diferentes neuronas del cerebro (proceso de sinapsis) [10], razón por la cual participa en el manejo de diversas funciones tales como la conducta motora, la afectividad, la emotividad.



**Figura 1.2.** Localización de la sustancia negra [7]

Existen dos tipos de síntomas en la EP: síntomas motores y no motores.

Dentro de los síntomas motores típicos para caracterizar esta enfermedad tenemos los siguientes [8]:

- Temblor. Alrededor del 70% de las personas que padecen la EP inician con temblor. Este suele ser un temblor de reposo, puesto que aparece cuando la persona no realiza tarea alguna con la parte del cuerpo que está temblando, perjudica a las extremidades, así como también puede afectar a la cara o a la mandíbula. Este temblor puede esparcirse a otras partes del cuerpo conforme la EP evolucione, cabe recalcar que no

todos los pacientes que padezcan la EP van a desarrollar este síntoma, en muchas ocasiones se lo suele confundir con problemas propios de la edad.

- Bradicinesia. Es la lentitud para la iniciación y la ejecución de movimientos voluntarios, así como una disminución en la realización de movimientos complejos [11]. Uno de los aspectos a considerar es el tiempo en que al paciente le toma realizar estos movimientos (iniciarlos, detenerlos o mantenerlos) que pueden ser repetitivos.
- Rigidez. Implica un aumento en el tono muscular de un paciente, provocando que los músculos estén tensos y no exista relajación por parte de estos. Como consecuencia, se tiene dificultad para la movilización, disminución de expresividad, dolores, calambres, etc.

Dentro de los síntomas no motores tenemos [8]:

- Trastornos del sueño. Muchos de los pacientes padecen cuadros de insomnio, con una alteración del ciclo vigilia-sueño.
- Trastornos neuropsiquiátricos: Se refiere a las alteraciones del estado de ánimo, alucinaciones, trastornos del control de impulsos, etc.
- Otros: Estreñimiento, aumento de sudoración, síntomas urinarios, pérdida de la capacidad del olfato, alteraciones del habla y deglución.

## **1.3.2 SISTEMA FONATORIO**

### **1.3.2.1 La voz**

La voz es un proceso que inicia con movimientos de algunos músculos que implica lo siguiente: fonación (voz), respiración (proceso de respiración) y articulación (mediante la garganta, el paladar, la lengua, los labios y los dientes). Dichos movimientos musculares se inician, se coordinan y se controlan con el cerebro y vigilados mediante los sentidos del oído y el tacto. La producción de la voz (fonación) es la formación y modulación del sonido como parte del proceso del habla, esta se crea en las cuerdas o pliegues vocales de la laringe [12] [5].

El sistema fonatorio está compuesto por [13]:

- Nivel respiratorio. En la fonación la respiración es parte fundamental en el proceso de la voz, debido a que ésta genera la presión necesaria para mantener la ondulación de los pliegues vocales. En el proceso de espiración, se expulsa el aire y permite el ascenso progresivo del diafragma asegurando la presión espiratoria en función de la altura, el timbre, la intensidad y la duración de la voz.

- Nivel emisor. El órgano que permite la emisión del sonido es la laringe. Esta contiene las cuerdas vocales que son los elementos vibrantes de la voz, así mismo se hace referencia en este punto a la función emotiva debido a que la laringe toma parte en el llanto, quejido, fatiga, suspiro y bostezo.
- Nivel auditivo. El primer control de la voz es la audición. Existe una asociación bulbar entre lo laríngeo y lo auditivo, efectuando dicha asociación una acción estimuladora sobre la tonicidad cordal.
- Nivel de comando. Es constituido por aquellas estructuras anatómicas del sistema nervioso central periférico y central, que influye en el sistema fonatorio como también en el aspecto emocional.

### 1.3.3 CARACTERÍSTICAS ACÚSTICAS DE LA VOZ

- **Frecuencia fundamental:**

El tracto vocal actúa como un filtro de las ondas de sonido que entran en él, el mismo que crea polos o máximos a ciertas frecuencias conocidas como frecuencia fundamental y frecuencias formantes. Debido a las diversas posiciones que adoptan estos órganos, el tracto vocal presentará variadas formas que actúan como diferentes filtros acústicos para el sonido producido en la laringe, resultando en un sonido vocal distinto [5].

Esta frecuencia está gobernada por la contracción de los músculos cricotiroideos y determinada por tres factores:

- La masa de las cuerdas vocales.
- La viscoelasticidad de las cuerdas vocales.
- La presión subglótica (presión que existe bajo el espacio de las cuerdas vocales).

Conforme la persona crece, la voz cambia debido a los siguientes factores:

- Alargamiento de las cuerdas vocales.
- Desarrollo de los músculos cricotiroideo y tiroaritenideo.
- Cambio en la estructura de los tejidos de las cuerdas vocales.

El crecimiento de las cuerdas vocales implica una caída en la frecuencia fundamental, como se indica en la Ecuación 1.1 [5].

$$F_0 = \left[ \frac{1}{2L} \right] \sqrt{\frac{\sigma}{\rho}} \quad (1.1)$$



Donde  $F_0$  es la frecuencia fundamental,  $\sigma$  es la tensión longitudinal y  $\rho$  es la densidad de los tejidos. Aproximadamente desde los 20 años, mientras la persona se mantenga en condiciones saludables, la voz tiende a permanecer estable hasta la edad adulta.

Aproximadamente a los 45 años, hay un aumento de la rigidez debido a la osificación de los cartílagos laríngeos pudiendo dar lugar a una atrofia o degeneración de las cuerdas vocales que disminuirán el rendimiento vocal por la afectación del músculo tiroaritenoides y la voz se tornaría, débil o temblorosa, además de un descenso en la frecuencia fundamental y aspereza vocal [5].

- **Jitter:**

El *jitter* corresponde a las variaciones de la frecuencia fundamental ( $F_0$ ) que existen en un tramo del habla. Este busca cuantificar las perturbaciones ciclo a ciclo de la frecuencia fundamental ( $F_0$ ). Es uno de los factores que es afectado principalmente por el retardo del control de la vibración de las cuerdas vocales. Generalmente, en los pacientes que padecen alguna patología, el porcentaje de Jitter es más alto en comparación a un paciente sano [5] [23].

El *jitter* puede ser calculado usando el contorno de ( $F_0$ ) o el contorno inversamente proporcional del periodo *pitch*  $T_0 = 1/F_0$ . Las investigaciones se enfocan principalmente al segundo, sin embargo, ninguno de los dos enfoques cuantifica mejor la severidad vocal en la EP.

Las variantes del jitter son [24]:

- Diferencia absoluta media de  $F_0$  estimada entre ciclos sucesivos [24]

$$Jitter_{F_0,abs} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N-1} |F_{0,i} - F_{0,i+1}| \quad (1.2)$$

Donde N es el número de ciclos en los que se ha calculado  $F_0$

- Diferencia absoluta media de  $F_0$  de ciclos sucesivos divididos por la  $F_0$  (expresado en %) [24].

$$Jitter_{F_0,\%} = 100 * \frac{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N-1} |F_{0,i} - F_{0,i+1}|}{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N-1} F_{0,i}} \quad (1.3)$$

- Medición del cociente de perturbación usando K ciclos [24].

$$Jitter_{F_0, PQ_1, K} = \frac{\frac{1}{N-K+1} \sum_{i=K_1}^{N-K_2} \left[ \frac{1}{K} \sum_{j=i-K_2}^{i+K_2} |F_{0,j} - F_{0,i}| \right]}{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N-1} F_{0,i}} \quad (1.4)$$

Donde  $K_1 = (K/2)$  y  $K_2 = K - K_1$

- Cociente de perturbación usando un modelo autoregresivo [24]

$$Jitter_{F_0, PQ_3, K} = \frac{\frac{1}{N-p} \sum_{i=p+1}^N \left| \sum_{j=i-p}^i a_j * (F_{0,j} - \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N F_{0,i}) \right|}{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N-1} F_{0,i}} \quad (1.5)$$

Donde  $\{a_j\}_{j=i}^p$  son los coeficientes del modelo autoregresivo, estimados del contorno de  $F_0$  usando las ecuaciones de *Yule-Walker*.

- Perturbación absoluta media (1.6) y cuadrada media normalizada (1.7) [24]

$$Jitter_{F_0, P1} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N-1} \left| F_{0,i} - \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N F_{0,j} \right| \quad (1.6)$$

$$Jitter_{F_0, P2} = \frac{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N-1} (F_{0,i} - F_{0,i+1})^2}{\left( \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N F_{0,i} \right)^2} \quad (1.7)$$

- **Shimmer:**

El *Shimmer* es la perturbación de la amplitud de la señal medida ciclo a ciclo, está vinculada a la reducción de la resistencia glotal y lesiones de las cuerdas vocales, de manera que está relacionada a la presencia de la emisión de ruido. Tomando en cuenta que el *shimmer* mide la amplitud de la señal de voz para su cálculo se usará el contorno de la amplitud  $A_0$ . Este contorno  $A_0$  se define haciendo uso del valor de la máxima amplitud dentro del ciclo glotal [5] [24] [25].

Dentro de las variantes del Shimmer se tiene:

- Diferencia absoluta media de  $A_0$  estimada entre ciclos sucesivos [24].

$$Shimmer_{A_0, abs} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N-1} |A_{0,i} + A_{0,i+1}| \quad (1.8)$$

- Diferencia absoluta media de  $A_0$  de ciclos sucesivos dividida por la media de  $A_0$  expresada en porcentaje (%) [24].

$$Shimmer_{A_0, \%} = 100 * \frac{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N-1} |A_{0,i} - A_{0,i+1}|}{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N-1} A_{0,i}} \quad (1.9)$$

- Cociente de perturbación usando K ciclos [24]

$$Shimmer_{A_0, PQ_1, K} = \frac{\frac{1}{N-K+1} \sum_{i=K_1}^{N-K_2} \left[ \frac{1}{K} \sum_{j=i-K_2}^{i+K_2} |A_{0,j} - A_{0,i}| \right]}{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N-1} A_{0,i}} \quad (1.10)$$

Donde  $K_1 = (K/2)$  y  $K_2 = K - K_1$

- Cociente de perturbación usando un modelo autoregresivo [24]

$$Shimmer_{A_0, PQ_3, K} = \frac{\frac{1}{N-p} \sum_{i=p+1}^N \left| \sum_{j=i-p}^i a_j * (A_{0,j} - \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N A_{0,i}) \right|}{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N-1} A_{0,i}} \quad (1.11)$$

Donde  $\{a_j\}_{j=i}^p$  son los coeficientes del modelo autoregresivo, estimados del contorno de  $A_0$  usando las ecuaciones de *Yule-Walker*.

- Perturbación absoluta media (1.12) y cuadrada media normalizada (1.13) [24]

$$Shimmer_{A_0, P1} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N-1} \left| A_{0,i} - \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N A_{0,j} \right| \quad (1.12)$$

$$Shimmer_{A_0, P2} = \frac{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N-1} (A_{0,i} - A_{0,i+1})^2}{\left( \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N A_{0,i} \right)^2} \quad (1.13)$$

- Una medida acústica adicional del *shimmer* está dada en decibelios (dB) [24]

$$Shimmer_{dB} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N-1} 20 * \left| \log_{10} \frac{A_{0,i}}{A_{0,i+1}} \right| \quad (1.14)$$

- **HNR y NHR**

Es la relación armónico-ruido (HNR) y la relación ruido-armónico (NHR) cuya medida, expresada en dB, cuantifica la cantidad de ruido activo en la señal de la voz. Este reside en la relación que existe entre la energía espectral debida a las componentes armónicas de la señal y la correspondiente al ruido [26] [5].

Este ruido entre armónicos está asociado con el cierre incompleto de las cuerdas vocales, su aumento interpreta variaciones en el *jitter* y el *shimmer*. El aumento de la NHR se interpreta como el incremento espectral del ruido y esto puede deberse a la variación de la amplitud de la frecuencia, a ruido turbulento, a componentes subarmónicas o “*voice breaks*” (cortes de la voz).

Para su medición se realiza el cálculo de la autocorrelación normalizada obteniendo el valor de  $l_{max}$  correspondiente a la muestra que provee el máximo global de la autocorrelación.

Para una señal sin ruido, la autocorrelación en el instante  $R_{xx}(l_{max})$  debería ser 1. Entonces, la definición de HNR es [27] [28]:

$$HNR (dB) = 10 * \log_{10} \left[ \frac{R_{xx}(l_{max})}{(1 - R_{xx}(l_{max}))} \right] \quad (1.15)$$

Similarmente, NHR se define como [5] [24]:

$$NHR = 10 * \left[ \frac{(1 - R_{xx}(l_{max}))}{R_{xx}(l_{max})} \right] \quad (1.16)$$

- **Linear Predicting Coding Coefficients (LPCC)**

En las aplicaciones de análisis de series de tiempo, con frecuencia se requiere expresar muestras futuras de la señal como una combinación lineal de los valores previos de dicha señal. Esta herramienta es conocida como “modelo autoregresivo” (Modelo AR), donde la codificación predictiva lineal (LPC) es una aplicación del modelo AR y usado en técnicas de análisis de habla para la compresión con baja de tasa de bits. La LPC se apoya en la teoría lineal filtro-fuente de la producción de voz. Una muestra de la señal de voz  $\hat{S}_n$  se predice de las pasadas  $p$  muestras de la siguiente forma [5] [24]:

$$\hat{S}_n = \sum_{l=1}^p a_l * S_{n-l} \quad (1.17)$$

Donde  $\{a_l\}_{l=1}^p$  Son los coeficientes de predicción lineal (LPCC) obtenidos al hacer uso del método de mínimos cuadrados o ecuaciones de *Yule-Walker* con el objetivo de minimizar el error cuadrático entre los valores predichos y reales. La diferencia entre el valor actual  $S_n$  y el valor predicho  $\hat{S}_n$  es conocido como el valor residual:  $e_n = S_n - \hat{S}_n$

La confiabilidad de los LPCC como marcadores precisos en la caracterización de la voz, depende de cuán válida es la teoría del filtro-fuente lineal en desórdenes vocálicos y esto es lo que hace cuestionable el análisis de los desórdenes vocálicos [5].

- **Mel Frequency Cepstral Coefficients (MFCC)**

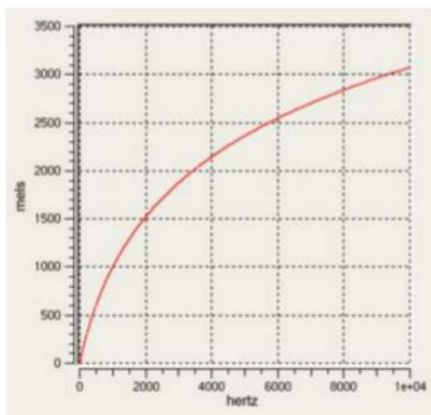
Los MFCCs (Coeficientes Cepstrales de las frecuencias de Mel) son coeficientes que permiten la representación del habla basada en la percepción auditiva humana, estos muestran características locales de las señales de voz, mismas que están asociadas al tracto vocal, como la lengua, mandíbula y labios y son también afectados según el modelo filtro-fuente.

La teoría del filtro-fuente lineal indica que, el sonido producido por los órganos vocales es el resultado de la convolución de las cuerdas vocales y la respuesta impulso del tracto vocal. La señal registrada  $x$ , necesita ser deconvolucionada para distinguir entre el tracto vocal y las cuerdas vocales para poder realizar un análisis individual de estas. La deconvolución de señales de voz es generalmente realizada con análisis en el dominio cepstral debido a su simplicidad; este dominio cepstral (1.18) se lo define como la inversa de la transformada de Fourier del logaritmo del espectro de potencia de la señal de voz [5].

Específicamente para una señal  $x = x_1 \dots x_N$  tenemos [24]:

$$c_n = \frac{1}{N} \sum_{k=1}^N \log(|X(w)|) \cdot \exp\left(-j \frac{2k\pi}{N} n\right) \quad (1.18)$$

Su particularidad radica en que en MFCC las bandas de frecuencia están situadas logarítmicamente. Según la escala de Mel, el punto de referencia se define equiparando un tono de 1000 Hz, 40 dBs por encima del umbral de audición del oyente con un tono de 1000 mels, tal como se muestra en la Figura 1.3 [29].



**Figura 1.3.** Gráfica Mel-Hz [29]

Como se observa en la Ecuación 1.19, la *mel frequency scale* está definida como [14]:

$$mel(f) = 2595 \log\left(1 + \frac{f}{5000}\right), \quad 0 \leq f \leq F_s \quad (1.19)$$

Esta escala hace una aproximación a la respuesta del sistema auditivo humano para sonidos de diferentes frecuencias, emulando las propiedades del filtrado efectivo del oído humano.

- **Relación entre la excitación glótica y el ruido (GNE)**

El objetivo de estas medidas es cuantificar la extensión del ruido en la señal; en otras palabras, son similares a la relación señal a ruido (SNR). La GNE se basa en colisiones de los pliegues vocales que producen una excitación sincrónica de bandas de diferente frecuencia, mientras que el ruido turbulento producido por un cierre incompleto de los pliegues vocales produce una excitación asincrónica [5].

Los pasos para calcular el factor GNE son 6:

1. La señal se submuestra a 10 KHz.
2. Se realiza un filtrado inverso de la señal de voz.
3. Se calcula la envolvente de Hilbert (valor absoluto de la señal analítica compleja) de las diferentes bandas de frecuencia con ancho de banda fijo y diferentes frecuencias centrales.
4. Considerar cada par de envolventes para las cuales la diferencia de sus frecuencias centrales es mayor o igual que la mitad del ancho de banda para calcular la función de autocorrelación cruzada entre tales envolventes.
5. Tomar el máximo de cada función de correlación.
6. Tomar el mayor de los máximos calculados en el paso anterior.

- **Análisis de fluctuaciones estocásticas (DFA)**

Es un método de análisis de ajuste que se usa para cuantificar autocorrelaciones *power-law* de un gran rango de señales no estacionarias. El *Power-law* es una relación invariante en escala entre dos cantidades, donde la cantidad dependiente varía como una potencia de la cantidad independiente. Por medio de la DFA se pueden resolver técnicas de análisis de escalamiento convenientes solo para señales estacionarias. En las señales de voz, caracteriza el ruido turbulento cuantificando la autosimilitud estocástica producida por el flujo de aire turbulento en el tracto vocal [5].

La DFA se centra en la componente estocástica de la señal de habla, con el objetivo de caracterizar su exponente de escala y se logra ajustando pequeños intervalos de tiempo

de longitud  $L$  y midiendo la fluctuación media  $F(L)$  de la señal dentro de cada intervalo, usando la métrica de la raíz cuadrática media. El algoritmo ajusta una línea recta al conjunto  $\log L, \log F(L)$  sobre diversos valores de  $L$  usando una regresión lineal de mínimos cuadrados [5].

- **Medida de entropía en pliegues vocales (RPDE)**

Se encarga de medir la capacidad que tienen los pliegues vocales para mantener una oscilación estable, cuantificando las desviaciones de periodicidad. El concepto está en que la señal de voz está conformada por una componente determinista (no lineal) y una componente estocástica y RPDE trata de obtener esta segunda componente; esta medida se basa en la noción de recurrencia que puede ser vista como una generalización de la periodicidad, donde la recurrencia puede expresarse informalmente como la cantidad de tiempo (número de muestras /  $F_s$ ) antes de que un pequeño segmento  $m$ -dimensional de la señal de voz (la longitud debe ser determinada) este dentro de una constante arbitraria [5]. La RPDE se determina entonces a partir de la entropía de la distribución de  $p(T)$ , normalizada por la entropía de una señal puramente estocástica la cual es  $\ln(T_{max})$  con el fin de proveer una salida en el rango de 0 a 1. RPDE se le puede calcular como (1.20):

$$RPDE \equiv \frac{-\sum_i^{T_{max}} p(i) \cdot \ln(p(i))}{\ln(T_{max})} \quad (1.20)$$

Las disfonías de la voz causan generalmente un incremento en RPDE debido al aumento de la incertidumbre en el periodo de la señal del habla. (RPDE es cero para señales perfectamente periódicas y cercano a 1 en el caso puramente estocástico) [5].

- **Entropía de frecuencia fundamental (PPE)**

Las voces sanas presentan una variación natural del tono ( $F_0$ ) que se caracteriza por una suave vibración y microtemblores que son detectados por mediciones tradicionales de la fluctuación. Un síntoma disfónico común de la EP es el control deteriorado del tono estacionario de la voz  $F_0$  durante una fonación sostenida.

La variación natural está relacionada con el tono de voz promedio del sujeto, por ejemplo, las personas cuyas voces son naturalmente agudas tendrán muchas más vibraciones y microtemblores que aquellos con voces de tono bajo, por ende, las mediciones de la variación anormal del tono del habla deben tener en cuenta estos dos efectos importantes: vibrato sano, suave y microtemblores.

Tales observaciones sugieren una escala logarítmica (tonal), la cual es una escala más relevante para evaluar las variaciones anormales en el tono del habla, con el objetivo de

captar mejor la variación del período de tono debido a la disfonía relacionada con la EP independiente de las variaciones naturales, eliminando las variaciones suaves antes de medir el alcance de las mismas.

El PPE considera las observaciones mencionadas y es implementada inicialmente tomando en cuenta el contorno estimado  $F_O$  que es convertido a un semitono logarítmico perceptual:  $F_{O,per} = 12 \log_2(F_O/127)^{22}$ . El contorno  $F_O$  perceptual,  $F_{O,per}$ , es filtrado para aplanar el espectro de las series del semitono y remover el efecto del semitono medio dando lugar a la serie que caracteriza la ocurrencia de variaciones de semitono  $r$ .

Para el cálculo se obtiene la densidad de la probabilidad de los valores del semitono  $p(r)$  y se lo expresa usando el concepto de entropía: [5]

$$PPE \equiv \frac{-\sum_i^{L_{PPE}} p(i) \cdot \ln(p(i))}{\ln(L_{PPE})} \quad (1.21)$$

Donde  $L_{PPE}$  es la longitud de puntos usados en el cálculo de la medida.

### 1.3.4 CORRELACIÓN DE LA ENFERMEDAD DE PARKINSON Y LA VOZ

La EP afecta la mayor parte de los sistemas que regulan el control motor del habla, incluyendo la respiración, la fonación y la articulación, este tipo de alteraciones dan lugar a una disartria hipocinética caracterizada por un habla monótona, de bajo tono e intensidad, imprecisa en las consonantes con pausas inapropiadas y pobremente prosódica. Los análisis acústicos del habla y la voz pueden ofrecer información valiosa como biomarcadores para la detección temprana, la progresión y la gravedad del trastorno, así como para valorar la eficacia de los tratamientos farmacológicos y quirúrgicos [3].

El habla parkinsoniana se caracteriza por tener una sonoridad e intensidad monótona, de bajo tono y pobremente prosódica, que tiende a desvanecerse al final de la fonación. El habla se produce en lentos ataques y significativas pausas para respirar entre palabras y sílabas, reduciendo la fluidez verbal y el ritmo. La articulación de los sonidos, tanto linguales como labiales, está empobrecida, reduciendo significativamente su inteligibilidad y dificultando la identificación de su estado emocional, en ocasiones también existe repetición de sílabas, palabras o frases [3].

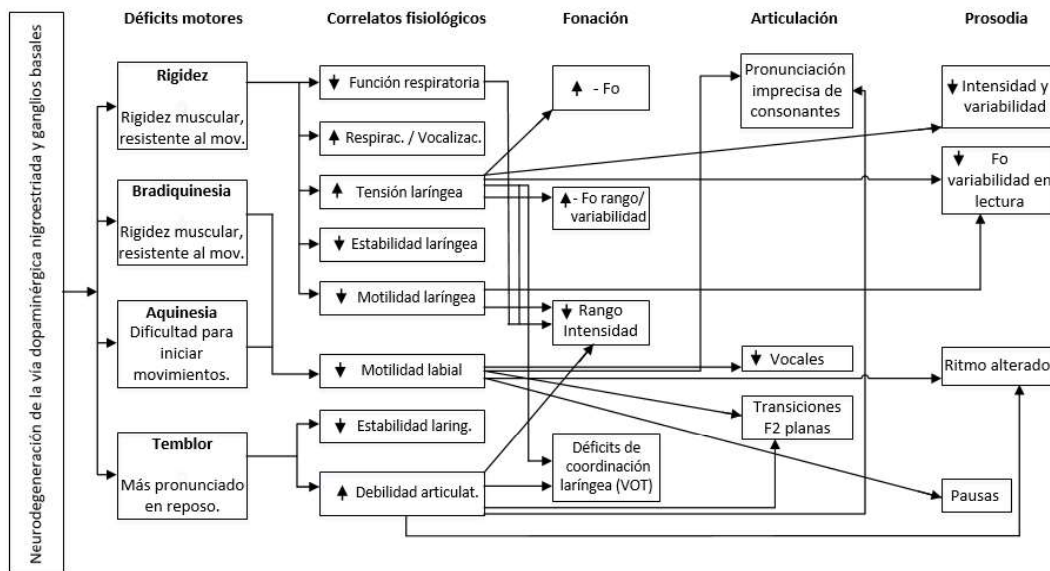
Estas alteraciones son similares en los estados depresivos, y se sabe que estos pacientes los sufren frecuentemente y se solapan con cambios propios que se producen con la edad como consecuencia de los cambios fisiológicos producidos en el sistema fonatorio: modificaciones de la laringe, alteraciones en el sistema respiratorio, en las cavidades de



resonancia, y en los órganos articulatorios, consecuentes al deterioro en los músculos, cartílagos articulaciones, ligamentos y mucosa laríngea [3].

### 1.3.5 ALTERACIONES DEL CONTROL MOTOR EN EL HABLA PARKINSONIANA

Las características acústicas del habla del paciente con EP presentan cambios fisiológicos y anatómicos clásicos causados por la pérdida de producción de dopamina. Debido a la falta de un *input* dopaminérgico en el *estriado* y la desregulación de los ganglios basales se producen los déficits motores que afectan adversamente a los tres subsistemas relacionados con el control motor del habla: respiratorio, fonatorio y articulatorio como se observa en la Figura 1.4. [3].



**Figura 1.4.** Relación hipotética entre los correlatos fisiológicos y los parámetros acústicos en la EP [3]

La presencia de la EP genera una rigidez que afecta al sistema respiratorio que facilita el flujo y presión de aire suficiente para generar la voz, lo que se traduce perceptualmente en una voz grave. Esta eficiencia respiratoria implicada en la fonación puede ser evaluada midiendo el tiempo que se ocupa al pronunciar las vocales. Varios estudios confirman que este tiempo se reduce de manera significativa en comparación a personas que no padecen dicha patología, esto altera también la habilidad y el rango para modular la intensidad de la voz mismo que depende de la función respiratoria [3].

El sistema fonatorio se ve alterado debido a que afecta el ritmo vibratorio de las cuerdas vocales afectando la frecuencia fundamental ( $F_0$ ) que es el parámetro principal de análisis de la entonación y la curva melódica de cualquier vocalización, muchas investigaciones indican que los pacientes con EP presentan niveles superiores en la  $F_0$  así como una reducción en el rango de frecuencias. Se aprecia también alteraciones en el sistema articulatorio. Al iniciar la EP, el habla parece relativamente intacta, pero conforme la enfermedad evoluciona, esta se hace más lenta o rápida. Debido a la imprecisión articulatoria se ven alterados los espacios entre las consonantes y las vocales puesto que los pacientes con EP producen pausas imprecisas en las consonantes [3] [5].

### **1.3.6 ALTERACIONES DE LA FONACIÓN**

Dentro de los cambios en el habla debido a la presencia de la EP se tiene la fonación, alteraciones de resonancia y prosodia. En consecuencia, varios de los sistemas sufren alteraciones siendo el lenguaje hablado una de las que tiene mayor limitación. En la fonación se tiene alteraciones tales como la disminución del volumen respiratorio debido a que afecta a la intensidad de la voz y a su vocalización, las alteraciones de resonancia por dificultades en la movilidad velopalatina, la cual es una entidad clínica caracterizada por aparecer cuando el velo del paladar, las paredes faríngeas laterales y posteriores no logran la separación perfecta entre las cavidades nasal y oral durante la fonación y deglución, por último las alteraciones de prosodia y articulación del lenguaje que van acorde a la intensidad de la enfermedad. Este conjunto de alteraciones produce un lenguaje hipofónico, monótono, farfullante e intangible en los estados avanzados de la enfermedad siendo un porcentaje mayor al 70% de pacientes parkinsonianos que sufren estas afecciones en los estados iniciales de esta enfermedad [15] [16] [20].

El temblor de la voz es característico de la EP, este se manifiesta en las bandas de 2-4 Hz (temblor fisiológico), de 6-10 Hz (neurológico) o sobre los 10 Hz (algunas veces confundido con el Jitter o aleteo acústico). Existen varias escalas para medir la gravedad de la enfermedad, pero se usan dos con mayor frecuencia las cuales son UPDRS y *Hoehn and Yahr* (H&Y). La UPDRS nos da información sobre la calificación unificada de la EP, esta es una escala multidimensional, fiable y válida, asignando una calificación normalizada en el intervalo 0-4 en 45 ítems como la memoria, el habla, deglución, escritura, la forma de caminar y entumecimiento, entre otros. Por otro lado, la escala *Hoehn and Yahr* (H&Y), permite comparar poblaciones de pacientes con EP, describiendo la progresión de los síntomas de la EP en una escala de a 1 a 5 [5] [17] [14].

### **1.3.7 ALGORITMOS GENÉTICOS**

#### **1.3.7.1 Orígenes**

Los principios básicos de los algoritmos genéticos (AGs) fueron establecidos por John Holland quien estableció la base de estos en el año de 1962 para desarrollos futuros. Para 1970 surgieron las líneas más prometedoras de inteligencia artificial mejor conocidas como los AGs y este nombre se debe a que está inspirado en la evolución biológica y la base genético-molecular. Al estar basado en procesos genéticos de los organismos vivos, las poblaciones evolucionan de acuerdo con los principios de selección natural y de supervivencia (del más fuerte), principios postulados por Charles Darwin en 1859. Con base en esta teoría, los algoritmos genéticos tienen la capacidad de ir creando soluciones para los problemas del mundo real y para que estas se encaminen hacia valores óptimos para cada problema, es necesaria una buena codificación de estos [22].

#### **1.3.7.2 Conceptos básicos**

Los AGs son parte de la computación evolutiva la cual consta de modelos computacionales que están inspirados en la evolución natural. Son métodos adaptativos usados en problemas de búsqueda y optimización de parámetros basados en el principio de supervivencia del más apto. Según Goldberg, “los Algoritmos Genéticos son algoritmos de búsqueda basadas en la mecánica de selección natural y de la genética natural. Combinan la supervivencia del más apto entre estructuras de secuencias con un intercambio de información estructurado, aunque aleatorizado, para construir así un algoritmo de búsquedas que tenga algo de las genialidades de las búsquedas humanas”. Estos algoritmos permiten solucionar problemas haciendo uso de un esfuerzo computacional bajo, especialmente en los casos en que otros métodos fallen o los requerimientos computacionales son excesivos. Dentro de los AGs existen dos características que son importantes para su desarrollo: la codificación de los individuos y la función de adaptación o *fitness*; estos parámetros son potencialmente importantes para el éxito del algoritmo [21] [5].

#### **1.3.7.3 Codificación de problemas**

Las soluciones a los problemas pueden ser representadas brindando valores a una serie de parámetros. Los “genes” o el conjunto de todos los parámetros (Terminología de los algoritmos genéticos) son codificados en una cadena de valores llamada *cromosoma*. Un conjunto de parámetros que son representados por un cromosoma en particular lleva el nombre de *genotipo*. Este contiene información necesaria para la construcción del organismo (la solución al problema real denominada *fenotipo*). Si realizamos una comparación en términos biológicos, el genotipo sería el ADN del individuo y la

manifestación del ADN (el individuo en sí) sería el fenotipo. Según Holland, la codificación se la realiza mediante valores binarios asignando un determinado número de bits a cada parámetro y realizando una discretización de la variable representada por cada gen y este número de bits dependerá el grado de ajuste que se desea alcanzar donde no todos los parámetros deben estar codificados con el mismo número de bits. Cada bit perteneciente a un gen recibe el nombre de *alelo* [21].

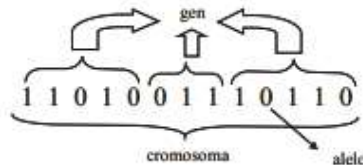


Figura 1.5. Individuo genético binario [21]

#### 1.3.7.4 Algoritmo principal

Una premisa para poder aplicar los AGs es conseguir que el tamaño de la población sea grande, de este modo, podemos asegurar la diversidad de soluciones. Como sugerencia se tiene que la población debe ser generada de manera aleatoria caso contrario debemos garantizar cierta diversidad en la población generada.

Los pasos básicos de un algoritmo genético son [31]:

- Evaluar la puntuación de cada uno de los cromosomas generados
- Permitir la reproducción de los cromosomas siendo los más aptos los que tengan más probabilidad de reproducirse.
- Con cierta probabilidad de mutación, mutar un gen del nuevo individuo generado.
- Organizar la nueva población.



Figura 1.6. Esquema simple de un AG [31]

Para la terminación, se puede fijar un número de iteraciones máximas antes de finalizar el algoritmo o detenerlo cuando no se produzcan cambios en la población. La estructura de un algoritmo genético simple se lo presenta en la Figura 1.6

Dentro de este esquema debemos tomar en consideración los siguientes parámetros:

- Tamaño de la población:

Nos indica el número de cromosomas que tenemos en la población para una generación determinada. Cuando el tamaño de la población es insuficiente, el AG tiene pocas posibilidades de realizar reproducciones, tendrá una diversidad de soluciones pequeña por lo que se realizará una búsqueda de resultados escaso y poco óptimo. Por otro lado, si el tamaño de la población es excesivo, el AG tardará en procesar. Los resultados de varios autores, siendo estos empíricos, sugieren tamaños de población de 30 individuos. Otros análisis indican que existe una relación lineal entre el tamaño de la población y la longitud del cromosoma lo que en ciertos casos implica una gran población [31] [33] [34].

- Probabilidad de cruce:

Indica la probabilidad de reproducción entre los cromosomas padre, es decir, la frecuencia con la que se producen los cruces entre los cromosomas padre. Al existir probabilidad de cruce, los hijos tendrán parte de los cromosomas de los padres, por lo que, si la probabilidad de cruce es del 100% el hijo se crea totalmente por cruce. En caso de no existir probabilidad de cruce, los hijos serán copias exactas de los padres [31].

- Probabilidad de mutación:

Indica la frecuencia con la que los genes del cromosoma son mutados. Al igual que la probabilidad de cruce, debemos tener en cuenta tres aspectos importantes: Al no existir mutación, los descendientes son los mismos que existían después de la reproducción. Al existir una probabilidad de mutación parte del cromosoma descendiente es modificado. Y si se tiene una probabilidad de mutación del 100% el cromosoma cambia en su totalidad, no se cambian solo unos bits del cromosoma, sino que varían todos dando a entender que se genera una inversión del cromosoma y no una mutación haciendo que la población se degenera rápidamente [31].

Como se puede observar en la Figura 1.7, se presenta el funcionamiento del algoritmo genético mediante el pseudocódigo [21]:

```

Inicializar población actual aleatoriamente
MIENTRAS no se cumpla el criterio de terminación
    crear población temporal vacía
    SI elitismo: copiar en población temporal mejores individuos
    MIENTRAS población temporal no llena
        seleccionar padres
        cruzar padres con probabilidad  $P_c$ 
        SI se ha producido el cruce
            mutar uno de los descendientes (prob.  $P_m$ )
            evaluar descendientes
            añadir descendientes a la población temporal
        SINO
            añadir padres a la población temporal
    FIN SI
    FIN MIENTRAS
    aumentar contador generaciones
    establecer como nueva población actual la población temporal
FIN MIENTRAS

```

**Figura 1.7.** Funcionamiento de un algoritmo genético [21]

De los resultados, los mejores individuos de cada generación se los copia en una población temporal de modo que se evita la pérdida, y comienza a generarse una nueva población la misma que está basada en los operadores genéticos de cruce y/o copia [21].

### 1.3.7.5 Función de *fitness*

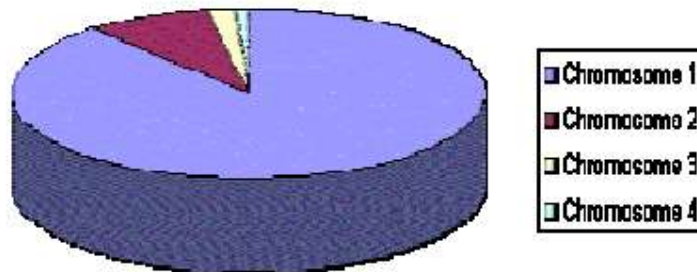
Es parte importante dentro del desarrollo de los algoritmos genéticos puesto que esta nos ayudará a valorar la aptitud de los individuos. Los individuos con mejor valor de *fitness* (aptitud) tendrán mayor posibilidad de ser seleccionados, es decir, la función de *fitness* mide la calidad de la solución representada. Esta función es diseñada de manera específica para cada problema planteado, la misma que establece un número real que refleja el nivel de adaptación al problema representado por el cromosoma [50].

### 1.3.7.6 Tipos de selección

- Por ruleta

Considerado como uno de los métodos más antiguos y utilizado de los AG. Para esta selección se crea una ruleta con los cromosomas presentes en una generación, cada cromosoma tendrá una parte mayor o menor en la ruleta y esto estará en función a la puntuación que tiene cada cromosoma. Al girar la ruleta, se selecciona el cromosoma en donde la ruleta se detenga. Por lo general se seleccionará el que tiene mayor puntuación pues será el que tenga mayor probabilidad de ser escogido. Este método de selección dará

problemas si es que un cromosoma tiene un 90% de posibilidades de ser elegido, ya que reducirá la diversidad genética [21] [32].



**Figura 1.8.** Selección por Ruleta [31]

- Por Torneo

La idea de este método es escoger de manera aleatoria un número de individuos de la población. Dentro de la población, aquel individuo que tenga una puntuación más alta se reproduce y por ende, sustituye la descendencia de aquel individuo que tenga una menor puntuación [31].

Dentro de la selección por torneo, se tiene dos versiones las cuales son determinístico y probabilístico. En la versión determinística, seleccionamos un número al azar de individuos donde se selecciona el más apto de modo que éste pase a la siguiente generación. La versión probabilística como se menciona en [21], se realiza al generar un número aleatorio del intervalo  $[0 \dots 1]$ , si es mayor que un parámetro  $p$  (Fijador para todo el proceso evolutivo) se escoge el individuo más alto y en caso contrario el menos apto, donde  $p$  toma valores en el rango  $0.5 < p \leq 1$  [21].

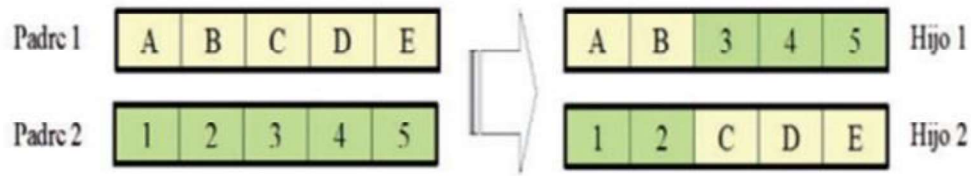
### 1.3.7.7 Tipos de cruce

Cuando los individuos son seleccionados, se los reproduce de modo que pueda existir la descendencia para la siguiente generación. Cuando se comparte las características buenas de dos individuos (en este caso de los padres), su descendencia debe tener mejores características que cada uno de los padres por separado [21].

Dentro de los tipos de cruce se tiene:

- Cruce de 1 punto

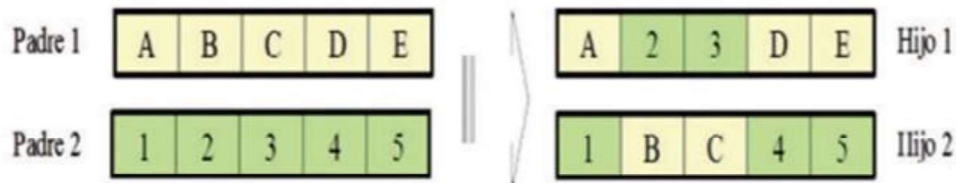
Es una técnica sencilla de cruce donde al ser seleccionados dos individuos, sus cromosomas se cortan en un punto seleccionado al azar generando de esta forma dos segmentos, y copiamos la información de uno de los padres desde el inicio hasta el punto de cruce y el resto se lo copia del otro progenitor como se ve en la Figura 1.9 [21] [31].



**Figura 1.9.** Cruce de 1 punto [21]

- Cruce de 2 puntos

De manera similar al cruce por 1 punto, en esta ocasión se cortará a los padres por dos puntos teniendo en cuenta que ninguno de estos puntos de corte coincida con el extremo de los cromosomas así garantizamos que se formen los tres segmentos. En el cruce de 2 puntos, el descendiente tendrá los genes de un cromosoma progenitor desde el principio hasta el primer punto de cruce, el segundo progenitor brindará los genes que van desde el primer punto de cruce hasta el segundo y por último se copiarán los genes del otro cromosoma progenitor que va desde el segundo punto de cruce hasta el final como se ve en la Figura 1.10. [31] [21].

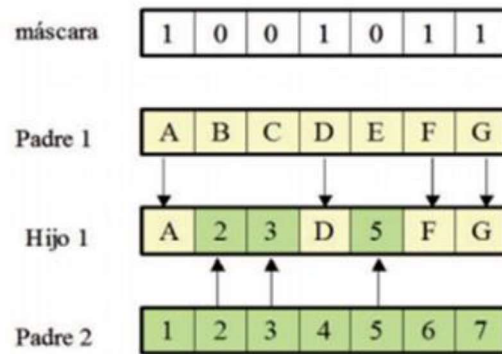


**Figura 1.10.** Cruce de 2 puntos [21]

- Cruce uniforme

A diferencia de los tipos de cruce, cada gen se obtiene de manera aleatoria de cualquiera de los padres. Esta técnica involucra la generación de una máscara de cruce con valores binarios en donde las posiciones de 1 y 0 influyen la posición del gen. Por ejemplo, como se ve en la Figura 1.11, se tiene un 1 en la primera posición de la máscara por lo que el primer padre copia el gen, de dicha posición, en el hijo. Por el contrario, si existe un 0, el gen se copia del segundo padre. De tener un segundo descendiente se intercambia el papel de los padres o intercambiamos la interpretación de los 0 y 1 de la máscara [21].





**Figura 1.11.** Ejemplo de Cruce uniforme

### 1.3.7.8 Ventajas y desventajas de los algoritmos genéticos

La ventaja de utilizar los AG es que tienen la capacidad de despreciar soluciones subóptimas y averiguar otras soluciones debido a la aleatoriedad que emplean y la manera de formar nuevas soluciones. Mediante estos algoritmos al resolver los problemas de optimización, se tiene menor probabilidad de encontrar mínimos locales comparado con métodos tradicionales y además de manejar varios parámetros a la vez conlleva a solventar varios objetos simultáneamente [14].

La principal desventaja que se tiene está relacionada con la posibilidad de que un cromosoma con una aptitud más alta que el resto, se reproduzca de manera abundante perjudicando así la diversidad en los AGs. Esto se da al dimensionar de mala manera el tamaño de las poblaciones (poblaciones pequeñas) por lo que un cromosoma puede convertirse en cromosoma dominante dentro de una población [14].

### 1.3.7.9 Aplicaciones de los algoritmos genéticos

Dentro de las aplicaciones que se tienen para los AGs se puede nombrar las siguientes [14]:

- Ingeniería Biomédica
- Robótica
- Sistemas Distribuidos
- Automatización de sistemas
- Ingeniería Aeroespacial
- Telecomunicaciones

### 1.3.8 ALGORITMOS GENÉTICOS EN MATLAB

Para la realización de este estudio técnico se hace uso de los algoritmos genéticos implementados en el entorno de Matlab con ayuda del *Global Optimization Toolbox*. Para obtener este toolbox, se puede descargar una versión de prueba o comprarlo en el portal de *mathworks*. La función que se utilizará es **ga** y para establecer las opciones de optimización se utilizará **optimoptions** [37].

La estructura de **ga** es la siguiente:

```
[x, fval, exitflag, output, population, score] =  
ga(funcionFitness,numvars,[],[],[],[],[],[],[],[],opciones)
```

Las opciones que se modificaron en este estudio son las siguientes:

- **numvars**. Es el número de variables, en nuestro caso se indicará el número de características que deseamos optimizar.
- **lb**. Corresponde al valor del límite inferior del cromosoma.
- **ub**. Corresponde al valor del límite superior del cromosoma.
- **intcon**. Contiene los índices de los genes del cromosoma.
- **PopulationSize**. Indica el tamaño de la población. Cuando la población es grande, el AG tiene un mayor espacio de solución; sin embargo, esto hace que el tiempo de procesamiento sea mayor.
- **CrossoverFraction**. Indica la fracción de la siguiente generación la misma que es diferente a la de los hijos producidos por cruce. El valor de este parámetro por defecto es 0.8 [38].
- **MaxGenerations**. Corresponde al número de iteraciones que el AG realiza antes de detenerse, por defecto, su valor es de 100 veces el número de variables.

### 1.3.9 CONJUNTO DE DATOS PARA SELECCIÓN DE CARACTERÍSTICAS

Para realizar la selección de características de la EP, se hará uso de un conjunto de datos UCI Machine Learning Repository, el cual es un centro para el aprendizaje de máquina y sistemas inteligentes que presenta varios conjuntos de datos usados por la comunidad científica para el análisis. Respecto a la enfermedad de Parkinson, este presenta tres subconjuntos de datos [5]:

1. Parkinson Telemonitoring Data Set

2. Parkinson Data Set

3. Parkinson Speech Dataset with Multiple Types of Sound Recordings Data Set

El primero es un conjunto creado por Athanasios Tsanas de la Universidad de Oxford en colaboración con 10 centros médicos de los Estados Unidos y la Corporación INTEL. Este conjunto puede ser descargado de <https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-databases/parkinsons/telemonitoring/>. En este enlace se encuentran dos ficheros: "parkinson\_updrs.data" que contiene los datos y "parkinson\_updrs.names" que contiene la información del conjunto de datos. [5]

El segundo es un conjunto de datos creado por Max Little de la Universidad de Oxford con colaboración con el "Center for voice and speech" que se encargó de la grabación de las señales de voz. Este conjunto de datos puede ser descargado de <https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-databases/parkinsons/> en el que se encuentran los ficheros: "parkinsons.data" y "parkinsons.names" y una carpeta "telemonitoring/". [5]

El tercero es un conjunto de datos que puede ser descargado de <https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-databases/00301/> en donde se puede encontrar un archivo comprimido "Parkinson\_Multiple\_Sound\_Recording\_Data.rar". Este contiene dos ficheros de texto: test\_data.txt y train\_data.txt (para pruebas y entrenamiento respectivamente) y otro fichero conformado por 32 ficheros que contienen muestras de voz.

Existe además el conjunto de datos "PVA dryun", que posee datos que están restringidos por un conjunto de principios y procedimientos que han sido establecidos para cumplir con estándares tanto éticos, regulatorio y legales. Solo los usuarios registrados de "Synapse" quien previamente aceptaron los *Data Use Terms*, pueden acceder a este conjunto de datos, las indicaciones están provistas en la página <https://www.synapse.org/#!Synapse:syn2321745/wiki/62077>.

Este conjunto de datos contiene breves registros de voz, con duraciones de 3 y 30 segundos, 38 características extraídas de los registros de voz, evaluaciones en escala PDRS y HYR (*Parkinson's Disease Rating Scale* y *Hoehn & Yahr*) y se han obtenido 779 registros de voz debido a que algunos individuos participaron en varias ocasiones [5].

### 1.3.10 MÉTODOS DE CLASIFICACIÓN Y VALIDACIÓN PARA CARACTERÍSTICAS

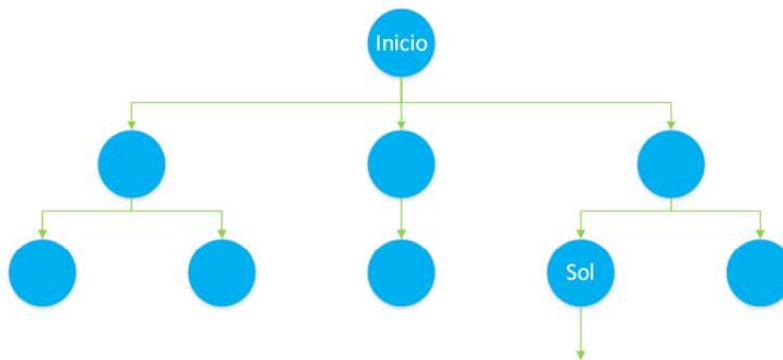
Parte importante dentro de este estudio técnico son las comparaciones de los resultados obtenidos frente a otras investigaciones similares que hacen uso del mismo *dataset* manejado en este estudio, para lo cual, se debe previamente validar los datos obtenidos. Para esto se utiliza una de las aplicaciones de Matlab la cual es *Classification Learner*, esta aplicación entrena modelos para clasificación de datos, al usarla se pueden tener varias máquinas de aprendizaje con varios clasificadores que permite clasificar los resultados obtenidos. A continuación, se explicará los métodos de clasificación y validación utilizados en esta investigación.

#### 1.3.10.1 Métodos de clasificación

Los métodos de clasificación utilizados son tres:

- **Árbol de decisión**

Es una técnica de minería de datos que prepara, sondea y explora los datos con el fin de obtener soluciones a problemas de predicción, clasificación y segmentación, lo que permite predecir un posible resultado [18]. Su arreglo es muy similar a la de un árbol por el hecho de que en su estructura base (raíz) se encuentra la información formada a partir de todos los datos, posee nodos internos y un conjunto de nodos terminales (hojas) en donde se encuentran las respuestas como se observa en la Figura 1.12 [5] [47].



**Figura 1.12.** Estructura de árbol de decisión [47]

Los árboles de decisión son capaces de manejar relaciones no lineales entre características y clases, y tienen la facilidad de manejar entradas numéricas. El índice de diversidad de Gini, regla de Twoing y reducción de desviación máxima son criterios que están basados en el grado de impureza de los nodos, la impureza indica la existencia de datos inconsistentes o incompletos dentro del conjunto de datos:

El índice de diversidad de Gini se calcula como se indica en la Ecuación 1.22:

$$GDI = 1 - \sum_i p^2(i) \quad (1.22)$$

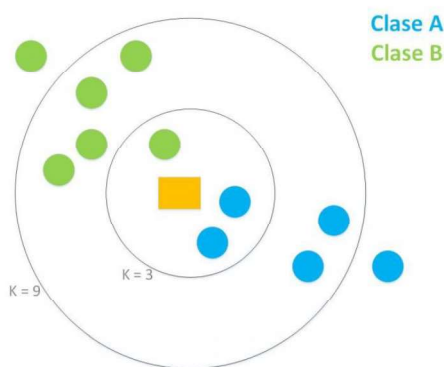
GDI indica la probabilidad de no sacar 2 registros de la misma clase del nodo, donde  $i$  es el conjunto de clases y  $p(i)$  es la probabilidad de ocurrencia de la clase  $i$ . Si se tiene un nodo puro (nodo con una sola clase) tiene un índice de Gini igual a 0, de otro modo el valor del índice es positivo.

La regla de Twoing por otro lado es una medida para decir como dividir un nodo, aunque varios estudios indican que los árboles construidos a partir del criterio de Gini presentan resultados ligeramente efectivos en comparación a los que son realizados bajo el criterio de Twoing por lo que se sugiere usar el primer criterio [19].

- **K – vecinos más próximos (KNN)**

El método de los K vecinos cercanos realiza la estimación basada en un conjunto de entrenamiento, y este se fundamenta en que el caso a clasificar es la más frecuente entre los vecinos más cercanos. Al momento de realizar la clasificación con KNN, la salida del clasificador corresponde a una clase, en el proceso de clasificación un objeto es clasificado por un voto común de sus vecinos, por lo que al objeto se le asigna a la clase principalmente común entre sus k vecinos más cercanos (el valor de K debe ser un valor entero positivo, generalmente pequeño) [54].

Por ejemplo, si deseamos clasificar el rectángulo tomate como se observa en la Figura 1.13, se utiliza un  $K = 3$ , se lo clasifica con la clase A, ya que solo existe un círculo B, pero si se utiliza un  $K = 9$ , se lo clasificaría con la clase B puesto que hay solo 4 de clase A y 5 de clase B [47].



**Figura 1.13.** Funcionamiento de KNN [47]

Existen varias métricas de distancia que pueden ser empleadas en KNN. Para explicarlas consideramos que se tiene una matriz de datos X de dimensiones  $(m \times n)$ , formada por  $m$  vectores fila de  $(1 \times n)$   $x_1, x_2, \dots, x_m$  y una matriz de datos Y de dimensiones  $(1 \times n)$  formada por vectores fila  $y_1, y_2, \dots, y_m$ . En este caso se tendrán las siguientes distancias [5]:

- Distancia Euclidiana. Es la distancia en línea recta o la trayectoria más corta entre dos puntos como se indica en la Ecuación 1.23 [55].

$$d_{st}^2 = (x_s - y_t)(x_s - y_t)' \quad (1.23)$$

- Distancia Chebyshev. Es una métrica definida en un espacio vectorial en el cual la distancia entre dos vectores es el mayor de sus diferencias a lo largo de cualquier dimensión de coordenadas [55].

$$d_{st} = \max_j \{|x_{sj} - y_{tj}|\} \quad (1.24)$$

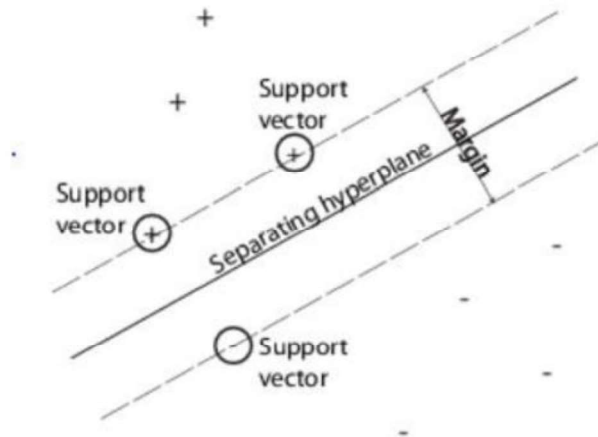
- Distancia *city block*. También conocida como distancia Manhattan, calcula la distancia que se puede recorrer para llegar de un punto de datos a otro si se sigue un camino en forma de rejilla. La distancia entre dos puntos corresponde a la suma de las diferencias de sus componentes [55].

$$d_{st} = \sum_{j=1}^n |x_{sj} - y_{tj}| \quad (1.25)$$

- **Máquinas de soporte Vectorial (SVM)**

Las máquinas de soporte vectorial se usan cuando los datos presentan dos clases separables, su clasificación se origina al buscando el hiperplano que mejor las divide, en otras palabras, aquellas que aseguren un margen máximo entre las dos clases, positiva o negativa. En la Figura 1.14 se presenta la máquina de soporte vectorial [47].

El margen es una distancia que separa las clases en la que su maximización permite encontrar el mejor hiperplano y los vectores soporte son puntos que están en las fronteras de las clases. La complejidad del modelo de una SVM no es afectada por el número de características encontrada en el dato de entrenamiento, razón por la cual, las SVM son óptimas para las tareas de aprendizaje en las que el número de características es grande con respecto al número de instancias de entrenamiento [5].



**Figura 1.14.** Máquina de soporte vectorial [47]

El margen es una distancia que separa las clases en la que su maximización permite encontrar el mejor hiperplano y los vectores soporte son puntos que están en las fronteras de las clases. La complejidad del modelo de una SVM no es afectada por el número de características encontrada en el dato de entrenamiento, razón por la cual, las SVM son óptimas para las tareas de aprendizaje en las que el número de características es grande con respecto al número de instancias de entrenamiento [5].

Dentro de las SVM es importante una correcta selección de la función de Kernel puesto que esta define el espacio de características en el que se clasificarán las instancias del conjunto de entrenamiento [43].

### 1.3.10.2 Validación cruzada

En el presente estudio técnico se hará uso de la validación cruzada. El método de validación cruzada es una técnica que permite evaluar el rendimiento de un algoritmo de aprendizaje al hacer predicciones respecto a conjuntos de datos que aún no han sido entrenados. Este método inicia desde la partición de un conjunto de datos y el uso de un subconjunto de datos para entrenar el algoritmo y los datos restantes que se usarán para la prueba. Las técnicas de validación cruzada incluyen [44]:

- **K-fold.** Separa los datos en K subconjuntos aleatorios de igual tamaño. Cada subconjunto es usado para validar el modelo entrenado usando los subconjuntos restantes. Se repite K veces, de manera que cada subconjunto se lo utiliza una vez para la validación.

- **Holdout.** Particiones de datos exactamente en dos subconjuntos de proporción específico para entrenamiento y validación.
- **Leaveout.** Particiones de datos utilizando un enfoque de K-pliegues donde K es igual al número total de observaciones en los datos.
- **Repeated random sub-sampling.** Realiza repeticiones de Monte Carlo de particiones aleatorias de datos y agregación de resultados en todas las ejecuciones.
- **Stratify.** Las particiones de los datos de modo que los datos de prueba y entrenamiento tienen aproximadamente las mismas proporciones de clase en la respuesta o el objetivo.
- **Resubstitution.** No realiza una partición de datos. Utiliza los datos de entrenamiento para la validación. Comúnmente produce estimaciones demasiado óptimas para el rendimiento.

### 1.3.10.3 Evaluación de desempeño del algoritmo de clasificación

Para realizar la evaluación de desempeño del algoritmo desarrollado, se hará uso de la matriz de confusión. Esta herramienta nos brinda una idea, con base en un conteo de aciertos y errores, de cómo está clasificando el algoritmo. Así, se comprobará si el algoritmo está clasificando de manera correcta o errónea las clases ya que su interpretación es sencilla

<b>Clase Real</b>	<b>0</b>	Verdaderos Negativos	Falso Positivo
	<b>1</b>	Falso Negativo	Verdaderos Positivos
		<b>0</b>	<b>1</b>
		<b>Clase Predicha</b>	

**Figura 1.15.** Matriz de confusión

Como se puede observar en la Figura 1.15. tenemos la interpretación de la matriz de confusión, tomando en cuenta que en nuestro estudio 0 es un paciente sano y 1 es un paciente enfermo, se pueden dar 4 posibilidades [48]:



- Verdaderos positivos. Son aquellos valores que han sido estimados como verdaderos siendo estos verdaderos, es decir, la persona está enferma y es diagnosticado como tal.
- Verdaderos negativos. Nos indica que alguna condición ha sido estimada como negativa siendo esta negativa, un paciente sano es diagnosticado como sano.
- Falsos Positivos. Nos indica que alguna condición se predice como positiva, pero en realidad es negativa, es decir, una persona es considerada enferma cuando en realidad esta sana.
- Falsos Negativos. Son aquellos valores que han sido estimados como negativos siendo estos positivos, quiere decir que un paciente se lo predice como sano cuando en realidad está enfermo.

## 2 METODOLOGÍA

En el presente capítulo se explicará la forma en que se desarrollará el proyecto y los métodos que haremos uso para realizar la selección de características de la voz y determinar cuáles de éstas nos pueden ser útiles para determinar la enfermedad de Parkinson.

### 2.1 DATASET PARA SELECCIÓN DE CARACTERÍSTICAS EN MATLAB

En el capítulo anterior se detalló los posibles *datasets* que se podrían utilizar para el desarrollo del presente trabajo, de manera que se escogió el *Parkinson Data Set*, que es un conjunto creado por Max Little de la Universidad de Oxford con colaboración con el “*Center for voice and speech*” que se encargó de la grabación de las señales de voz, este conjunto de datos puede ser descargado de <https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-database/parkinsons/>, en este se encuentran los ficheros: “parkinson.data” y “parkinson.names”.

Se decidió utilizar el conjunto de datos *UCI Machine Learning Repository*, debido a que este *dataset* es manejado en varios artículos que hacen referencia a la EP por lo que servirá para poder realizar una comparación de los resultados obtenidos en este estudio y los de otras investigaciones que trabajan con diferentes métodos de selección de características [5].

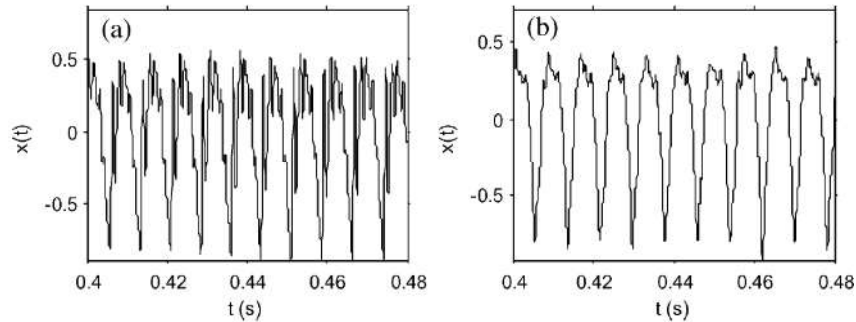
#### 2.1.1 DESCRIPCIÓN DEL CONJUNTO DE DATOS *PARKINSON DATA SET*

El fichero de datos contiene 24 columnas (de las cuales 22 contiene características de la voz y la última indica si el paciente está sano o enfermo) y 196 filas en donde la primera contiene los nombres de las columnas y los 195 restantes representan las fonaciones de vocales sostenidas de las personas identificadas en la primera columna.

El *dataset* fue realizado a 31 personas (hombres y mujeres) de los cuales 23 fueron diagnosticados con la EP. Las edades de estas personas están en un rango de los 46 a 85 años. En promedio se han registrado seis fonaciones para cada sujeto. Las fonaciones fueron grabadas en IAC (*Industrial Acoustics Company*), en una cabina de sonido usando un micrófono montado en la cabeza (AKG C420) posicionado a 8 cm de los labios y ubicado a 30 cm del altavoz. Las señales de voz fueron grabadas directamente en una computadora usando CSL (*Computerized Speech Laboratory*) muestreadas a 44.1 KHz con una resolución de 16 bits. El estudio se centró en las medidas insensibles a los cambios en el nivel de presión del habla, por lo que, para garantizar la robustez de los algoritmos, todas

las muestras se normalizaron digitalmente en amplitud antes del cálculo de las medidas [40].

En la Figura 2.1 se muestra dos ejemplos de señales de habla, la primera (a) corresponde a un paciente sano, mientras que la segunda (b) corresponde a un paciente con EP. El eje horizontal es el tiempo medido en segundos y el eje vertical es señal de amplitud y no posee unidades.



**Figura 2.1.** Ejemplos de señales de voz [40]

En la siguiente tabla se indican los detalles de este conjunto de datos:

**Tabla 2.1.** Características del data set. [5] [40] [41]

Columna	Descripción	Columna	Descripción
1	Nombre del Sujeto	13	<i>Shimmer (APQ5)</i>
2	Frecuencia Fundamental Promedio ( $F_0$ )	14	APQ
3	Frecuencia Fundamental Máxima ( $F_{hi}$ )	15	<i>Shimmer (DDA)</i>
4	Frecuencia Fundamental Mínima ( $F_{lo}$ )	16	NHR
5	<i>Jitter (%)</i>	17	HNR
6	<i>Jitter (Abs)</i>	18	PPE
7	RAP	19	RPDE
8	PPQ	20	DFA
9	<i>Jitter DDP</i>	21	<i>spread1</i>
10	<i>Shimmer</i>	22	<i>spread2</i>
11	<i>Shimmer dB</i>	23	D2
12	<i>Shimmer (APQ3)</i>	24	<i>status</i>

Como se observa en la tabla anterior, las características que se han estudiado se describen a continuación [46] [45] [41] [40] [39]:

- Fo (Hz). Frecuencia Fundamental Promedio
- Fhi (Hz). Frecuencia Fundamental Máxima
- Flo (Hz). Frecuencia Fundamental mínima
- Jitter (%). Esta es la diferencia absoluta promedio entre periodos consecutivos de la frecuencia fundamental, dividida por el periodo promedio y expresada como un porcentaje como se ve en la Ecuación 2.1 [41].

$$Jitter (\%) = \frac{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N-1} |T_i - T_{i+1}|}{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N T_i} \quad (2.1)$$

En donde  $T_i$  es el periodo de frecuencias fundamentales de una ventana de número “ $i$ ” y  $N$  es el total de numero de las ventanas.

- Jitter (ABS). Esta es la diferencia absoluta promedio entre periodos consecutivos de frecuencia fundamental en microsegundos como se observa en la Ecuación 2.2 [41].

$$Jitter (ABS) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N-1} |T_i - T_{i+1}| \quad (2.2)$$

- Jitter (RAP). Esta es la Perturbación Relativa Promedio, la diferencia absoluta promedio entre un periodo de frecuencia fundamental y el promedio de este y otros dos vecinos, dividido por el periodo promedio.
- PPQ. Periodo de Perturbación de cinco puntos.
- Jitter (DDP). Esta es la Diferencia absoluta promedio entre diferencias consecutivas entre periodos consecutivos, dividido por el periodo promedio.
- Shimmer. Este es la diferencia absoluta promedio entre amplitudes de periodos consecutivos, dividido por la amplitud promedio [41].

$$Shimmer = \frac{\frac{1}{N-1} \sum_{i=1}^{N-1} |A_i - A_{i+1}|}{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N A_i} \quad (2.3)$$

Donde  $A_i$  son los picos de la amplitud pico de la ventana de numero “ $i$ ” y  $N$  es el número total de ventanas.

- Shimmer (dB). Representa el promedio absoluto en logaritmo base 10 de la diferencia entre amplitudes de periodos consecutivos, multiplicados por 20 [41].

$$Shimmer (dB) = \frac{1}{N-1} \sum_{i=1}^{N-1} |20 \log(A_i - A_{i+1})| \quad (2.4)$$

- Shimmer (APQ3). Representa el cociente de perturbación de amplitud de tres puntos, la diferencia promedio absoluta entre la amplitud de un periodo y el promedio de amplitudes de sus vecinos, dividido por la amplitud promedio.
- Shimmer (APQ5). Este es el cociente de perturbación de amplitud de cinco puntos, la diferencia absoluta promedio entre la amplitud del periodo y el promedio de amplitudes de este y los cuatro vecinos cercanos, dividido para el promedio de la amplitud.
- APQ. Este es el cociente de perturbación de amplitud de once puntos.
- Shimmer (DDA). Este es la diferencia absoluta promedio entre diferencias consecutivas entre las amplitudes de periodos consecutivos.
- HNR. Relación armónico a ruido.
- NHR. Relación ruido a armónico.
- PPE. Es la entropía del período de tono (*Pitch Period Entropy*). Es una nueva medida de la disfonía, puesto que no existen métodos para caracterizar de manera eficaz la disfonía en presencia de factores tales como genero del sujeto y ambientes acústicos que pueden ser variables, siendo esta una medida robusta sensible a los cambios observados en el habla específica de la EP.
- RPDE. Es el periodo de recurrencia densidad entropía, la misma que permite determinar la periodicidad de una señal ya que la aleatoriedad y el ruido son inherentes a la producción vocal.
- DFA. Es el análisis de fluctuación descendente (*Detrended Fluctuation Analysis*). Es una herramienta de análisis de series de tiempo no lineales, se utilizan ya que la producción vocal es un sistema dinámico no lineal y que los cambios son producidos por deficiencias en los órganos vocales músculos y nervios que afectan a la dinámica de todo el sistema.
- Spread1 y Spread2. Medida no lineal de frecuencia fundamental.
- D2. Es la dimensión de correlación, calculado en base al primer retardo de tiempo, el mismo que incorpora la señal para recrear el espacio de fase de un sistema dinámico no lineal que se propone para generar la señal de voz.

## 2.2 CRITERIO DE MÍNIMA REDUNDANCIA Y MÁXIMA RELEVANCIA

Parte importante para el buen funcionamiento de los algoritmos genéticos es la implementación de la función de adaptación o de *fitness*, como se explicó en el capítulo anterior, esta función nos dará un valor que reflejará el nivel de adaptación al problema del individuo representado. Considerando que, nuestro algoritmo puede presentar resultados repetitivos y en consecuencia aumentar la carga computacional y no cumplir con el número de características que se espera a la salida, se toma en cuenta el criterio de mínima redundancia y máxima relevancia (mRMR) con el fin de considerar aquellas características de la voz que tenga máxima influencia para la determinación de la EP pero que a su vez no exista redundancia entre las mismas.

El objetivo de mRMR, como se menciona en [35], es encontrar un subespacio de  $m$  características,  $R^m$ , ( $m < M$ ) partiendo de un espacio  $M$ -dimensional de características  $R^M$ , que pueda generar la mayor relevancia con la clase  $c$  deseada y de menor redundancia entre las mismas [35].

Para desarrollar los modelos de predicción, el mRMR se aplica a los datos sin procesar para determinar las características más efectivas. Se busca eliminar características irrelevantes y redundantes donde el objetivo está en mejorar la exactitud del algoritmo de clasificación y reducir la carga computacional. Este algoritmo ha sido seleccionado en diversos estudios realizados debido a su elevado rendimiento en diversos estudios realizados donde es comparado con otros métodos de selección de características [35] [36].

Para realizar el cálculo de mRMR se toman las características del data set original (datos sin procesar), en algunas aplicaciones el número de características es limitada a pocas, mientras que en otras son excesivas. Las características de selección del algoritmo mRMR es esencialmente un tipo de filtro que trata de seleccionar características que son relevantes y filtrar el resto. Mientras se identifica las características más relevantes el algoritmo trata a la vez de minimizar la redundancia entre las características relevantes.

La Ecuación 2.5 indica la función de *fitness* utilizada [39]:

$$\emptyset = P - V \quad (2.5)$$

Donde  $V$  representa la cantidad de relevancia entre patrones y objetivos que es medido por cada cromosoma usando la Ecuación 2.6 [39]:

$$V = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n I(X_i; Y) \quad (2.6)$$

Donde  $I$  es la información mutua entre características y objetivos.  $P$  representa la cantidad de la redundancia entre patrones y características la cual es medida para cada cromosoma usando la Ecuación 2.7 [39]:

$$P = \frac{1}{n(n-1)} \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n I(X_i; X_j) \quad (2.7)$$

### 2.2.1 INFORMACIÓN MUTUA

Es una medida general de asociación o dependencia entre variables que puede captar asociaciones lineales y dependencias no lineales entre variables. Esta da una idea de relación que existe entre las características que se analizan y la salida (es decir si la persona está enferma o sana) [51].

Para calcular la información mutua, se calcula la entropía de cada patrón usando la ecuación 2.8 y la entropía del vector de salida es medido usando la ecuación 2.9 [39].

$$H(X) = - \sum_{i=1}^n p(x_i) \log p(x_i) \quad (2.8)$$

$$H(Y) = - \sum_{i=1}^n p(y_i) \log p(y_i) \quad (2.9)$$

Donde  $x$  es el vector de características,  $y$  es el vector de salida,  $p(x)$  y  $p(y)$  son las densidades de probabilidad respectivas. La densidad de probabilidad se define como (2.10)

$$f(x_i) = p(X = x_i) \quad (2.10)$$

En donde la probabilidad de que se dé una combinación en un espacio de  $k$  estados posibles se calcula como  $p = 1/k$ , por lo que  $p(x_i)$ , se calcula como  $\sum_{i=1}^n p(x_i)$ . Del mismo modo para  $p(y_i)$

La información mutua entre cada característica y cada salida es medida mediante la ecuación 2.11

$$I(X, Y) = H(Y) - H(Y|X) \quad (2.11)$$

Y  $H(Y|X)$  representa la incertidumbre en la salida Y

$$H(Y|X) = - \sum_x \sum_y p(x, y) \log(p(y|x)) \quad (2.11)$$

El valor de la información mutua es 0 cuando dos variables aleatorias son completamente independientes. Y mayor a 0 si es que son dependientes.

Esto nos da a entender que una variable nos puede proporcionar información sobre demostrando así la dependencia [5].

Existen tres propiedades importantes dentro de las características de una señal:

- **Relevancia.** Es la intensidad de la relación que se presenta entre una característica y la salida
- **Redundancia.** Considerada como información útil, pero superpuesta entre las características dentro de un subconjunto de características que permiten predecir la respuesta.
- **Complementariedad.** Se encarga de cuantificar la medida en que dos o más características se asocian con la variable de salida (respuesta). Hay que considerar que posiblemente las características al tomarlas individualmente se asocien con la respuesta, por otro lado, si las consideramos como conjunto, estas presenten una mayor relación con la respuesta.



### 3 RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Para la realización de este estudio técnico se hace uso de Algoritmos Genéticos implementados en el entorno de MATLAB, con ayuda del “*Global Optimization Toolbox*”.

La función que se utilizará es **ga** y para establecer las opciones se empleará **optimoptions** dentro del *Global Optimization Toolbox* [37] [38].

#### 3.1 EXPERIMENTOS REALIZADOS

Se ejecutó el AG para que, de las 22 características que presenta el *dataset* seleccionado, se determinen cuáles son aquellas que presentan el menor valor de la función de *fitness*. Realizamos los experimentos variando el número de características a seleccionar, por lo que se modificó el parámetro *numvars* con valores de 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14 y 15 características repitiendo el experimento 100 veces para cada uno de los valores de *numvars*.

Los parámetros que se observan a continuación varían dependiendo del número de características que deseamos analizar, los valores de *CrossoverFraction* y *FuncionTolerance* se los mantiene por defecto, ya que, al realizar variaciones en los mismos, no se obtuvieron cambios significativos en los resultados. Los nombres de las características se encuentran en la Tabla 2.1.

**Tabla 3.1.** Valor de los parámetros usados en los AG para calcular 5 características

Parámetros	Valor
Numvars	5
Lb	ones (1, numvars)
Ub	22*ones (1, numvars)
PopulationSize	120
CrossoverFraction	0.85
MaxGenerations	30
FuncionTolerance	0.000001

Los resultados fueron los siguientes:

**Tabla 3.2.** Valores del mejor cromosoma para 5 características optimizadas

Características Optimizadas	3	5	10	19	21	Valor de Fitness
						0.0222

**Tabla 3.3.** Valor de los parámetros usados en los AG para calcular 6 características

<b>Parámetros</b>	<b>Valor</b>
numvars	6
Lb	ones (1, numvars)
ub	22*ones (1, numvars)
PopulationSize	120
CrossoverFraction	0.85
MaxGenerations	30
FuncionTolerance	0.000001

Los resultados para las 6 características fueron:

**Tabla 3.4.** Valores del mejor cromosoma para 6 características optimizadas

<b>Características Optimizadas</b>	2	3	5	12	19	21	<b>Valor de Fitness</b> 0.0295
------------------------------------	---	---	---	----	----	----	-----------------------------------

**Tabla 3.5.** Valor de los parámetros usados en los AG para calcular 7 características

<b>Parámetros</b>	<b>Valor</b>
Numvars	7
Lb	ones (1, numvars)
Ub	22*ones (1, numvars)
PopulationSize	120
CrossoverFraction	0.85
MaxGenerations	30
FuncionTolerance	0.000001

Los resultados para las 7 características son los siguientes:

**Tabla 3.6.** Valores del mejor cromosoma para 7 características optimizadas

<b>Características Optimizadas</b>	2	3	5	13	15	19	21	<b>Valor de Fitness</b> 0.0349
------------------------------------	---	---	---	----	----	----	----	-----------------------------------

**Tabla 3.7.** Valor de los parámetros usados en los AG para calcular 8 características

<b>Parámetros</b>	<b>Valor</b>
numvars	8

Lb	ones (1, numvars)
ub	22*ones (1, numvars)
PopulationSize	120
CrossoverFraction	0.85
MaxGenerations	30
FuncionTolerance	0.000001

Los resultados para las 8 características fueron:

**Tabla 3.8.** Valores del mejor cromosoma para 8 características optimizadas

<b>Características Optimizadas</b>	2	3	5	13	15	17	19	21	<b>Valor de Fitness</b> 0.0445
------------------------------------	---	---	---	----	----	----	----	----	-----------------------------------

**Tabla 3.9.** Valor de los parámetros usados en los AG para calcular 9 características

<b>Parámetros</b>	<b>Valor</b>
numvars	9
Lb	ones (1, numvars)
ub	22*ones (1, numvars)
PopulationSize	120
CrossoverFraction	0.85
MaxGenerations	30
FuncionTolerance	0.000001

Los resultados para las 9 características fueron:

**Tabla 3.10.** Valores del mejor cromosoma para 9 características optimizadas

<b>Características Optimizadas</b>	2	3	5	10	18	19	20	21	22	<b>Valor de Fitness</b> 0.0528
------------------------------------	---	---	---	----	----	----	----	----	----	-----------------------------------

**Tabla 3.11.** Valor de los parámetros usados en los AG para calcular 10 características

<b>Parámetros</b>	<b>Valor</b>
numvars	10
lb	ones (1, numvars)
ub	22*ones (1, numvars)
PopulationSize	120
CrossoverFraction	0.85

Generations	30
TolFun	0.000001

Los resultados para las 10 características fueron:

**Tabla 3.12.** Valores del mejor cromosoma para 10 características para optimizadas

<b>Características Optimizadas</b>	2	3	5	8	13	17	18	19	21	22	<b>Valor de Fitness</b> 0.0576
------------------------------------	---	---	---	---	----	----	----	----	----	----	-----------------------------------

**Tabla 3.13.** Valor de los parámetros usados en los AG para calcular 11 características

<b>Parámetros</b>	<b>Valor</b>
numvars	11
lb	ones (1, numvars)
ub	22*ones (1, numvars)
PopulationSize	120
CrossoverFraction	0.85
Generations	30
TolFun	0.000001

Los resultados para las 11 características fueron:

**Tabla 3.14.** Valores del mejor cromosoma para 11 características optimizadas

<b>Características Optimizadas</b>	2	3	5	7	9	15	17	18	19	21	22	<b>Valor de Fitness</b> 0.0651
------------------------------------	---	---	---	---	---	----	----	----	----	----	----	-----------------------------------

**Tabla 3.15.** Valor de los parámetros usados en los AG para calcular 12 características

<b>Parámetros</b>	<b>Valor</b>
numvars	12
lb	ones (1, numvars)
ub	22*ones (1, numvars)
PopulationSize	120
CrossoverFraction	0.85
Generations	30
TolFun	0.000001

Los resultados para las 12 características fueron:

**Tabla 3.16.** Valores del mejor cromosoma para 12 características optimizadas

<b>Características Optimizadas</b>	2	3	5	7	9	13	15	17	18	19	21	22	<b>Valor de Fitness</b> 0.0697
------------------------------------	---	---	---	---	---	----	----	----	----	----	----	----	-----------------------------------

**Tabla 3.17.** Valor de los parámetros usados en los AG para calcular 13 características

<b>Parámetros</b>	<b>Valor</b>
numvars	13
lb	ones (1, numvars)
ub	22*ones (1, numvars)
PopulationSize	120
CrossoverFraction	0.85
Generations	30
TolFun	0.000001

Los resultados para las 13 características fueron:

**Tabla 3.18.** Valores del mejor cromosoma para 13 características optimizadas

<b>Características Optimizadas</b>	2	3	5	8	10	12	13	15	18	19	20	21	22	<b>Valor de Fitness</b> 0.0763
------------------------------------	---	---	---	---	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-----------------------------------

**Tabla 3.19.** Valor de los parámetros usados en los AG para calcular 14 características

<b>Parámetros</b>	<b>Valor</b>
numvars	14
lb	ones (1, numvars)
ub	22*ones (1, numvars)
PopulationSize	120
CrossoverFraction	0.85
Generations	30
TolFun	0.000001

Los resultados para las 14 características fueron:

**Tabla 3.20.** Valores del mejor cromosoma para 14 características optimizadas

<b>Características Optimizadas</b>	1	2	3	5	7	8	12	14	15	18	19	20	21	22	<b>Valor de Fitness</b> 0.0813
------------------------------------	---	---	---	---	---	---	----	----	----	----	----	----	----	----	-----------------------------------

**Tabla 3.21.** Valor de los parámetros usados en los AG para calcular 15 características

Parámetros	Valor
numvars	15
lb	ones (1, numvars)
ub	22*ones (1, numvars)
PopulationSize	120
CrossoverFraction	0.85
Generations	30
TolFun	0.000001

Los resultados para las 15 características fueron:

**Tabla 3.22.** Valores del mejor cromosoma para 15 características optimizadas

Características Optimizadas	1	2	3	5	6	7	11	12	13	15	18	19	20	21	22	Valor de Fitness
																0.0846

**Tabla 3.23.** Características optimizadas después de los experimentos

Numero de características	Características optimizadas
5	3, 5, 10, 19, 21
6	2, 3, 5, 12, 19, 21
7	2, 3, 5, 13, 15, 19, 21
8	2, 3, 5, 13, 15, 17, 19, 21
9	2, 3, 5, 10, 18, 19, 20, 21, 22
10	2, 3, 5, 8, 13, 17, 18, 19, 21, 22
11	2, 3, 5, 7, 9, 15, 17, 18, 19, 21, 22
12	2, 3, 5, 7, 9, 13, 15, 17, 18, 19, 21, 22
13	2, 3, 5, 8, 10, 12, 13, 15, 18, 19, 20, 21, 22
14	1, 2, 3, 5, 7, 8, 12, 14, 15, 18, 19, 20, 21, 22
15	1, 2, 3, 5, 6, 7, 11, 12, 13, 15, 18, 19, 20, 21, 22

En nuestro estudio se hizo uso de los modelos KNN, SVM y árbol de decisión, previamente explicados, para el análisis de resultados, así como la modificación de ciertos criterios de cada modelo para determinar el porcentaje de precisión, además se utilizó la validación *10-fold Cross-Validation*, obteniendo los siguientes resultados [50]:

**Tabla 3.24.** Descripción de los resultados para 5 características usando el método árbol de decisión.

Características Optimizadas		5	
Método		Árbol de decisión	
Criterio de división	Número de división	Precisión (%)	
Índice de diversidad de Gini	10	88.21	
	50	88.72	
	100	88.72	
	200	89.23	
Regla de Twoing	10	87.18	
	50	88.72	
	<b>100</b>	<b>89.74</b>	
	200	89.74	
Reducción desviación Máxima	10	87.69	
	50	88.72	
	100	85.64	
	200	88.72	

**Tabla 3.25.** Descripción de los resultados para 6 características usando el método árbol de decisión.

Características Optimizadas		6	
Método		Árbol de decisión	
Criterio de división	Número de división	Precisión (%)	
Índice de diversidad de Gini	10	89.23	
	50	88.72	
	100	90.26	
	200	89.74	
Regla de Twoing	10	88.72	
	50	88.72	
	100	89.23	
	200	90.26	
Reducción desviación Máxima	10	91.28	
	50	90.26	
	<b>100</b>	<b>92.31</b>	
	200	88.72	

**Tabla 3.26.** Descripción de los resultados para 7 características usando el método árbol de decisión.

Características Optimizadas		7	
Método		Árbol de decisión	
Criterio de división	Número de división	Precisión (%)	
Índice de diversidad de Gini	10	90.77	
	50	91.79	
	100	91.79	
	200	91.79	
Regla de Twoing	10	91.28	
	<b>50</b>	<b>92.31</b>	

	100	92.31
	200	91.28
Reducción desviación Máxima	10	90.77
	50	90.77
	100	90.26
	200	91.79

**Tabla 3.27.** Descripción de los resultados para 8 características usando el método árbol de decisión.

Características Optimizadas		8	
Método		Árbol de decisión	
Criterio de división	Número de división	Precisión (%)	
Índice de diversidad de Gini	10	89.23	
	50	89.74	
	100	89.23	
	200	89.23	
Regla de Twoing	10	89.74	
	50	89.23	
	100	88.72	
	200	88.72	
Reducción desviación Máxima	10	89.74	
	50	89.23	
	100	89.23	
	<b>200</b>	<b>90.77</b>	

**Tabla 3.28.** Descripción de los resultados para 9 características usando el método árbol de decisión.

Características Optimizadas		9	
Método		Árbol de decisión	
Criterio de división	Número de división	Precisión (%)	
Índice de diversidad de Gini	10	89.74	
	50	91.28	
	100	91.79	
	200	90.26	
Regla de Twoing	10	89.23	
	50	90.26	
	100	90.77	
	200	91.28	
Reducción desviación Máxima	<b>10</b>	<b>93.85</b>	
	50	93.33	
	100	92.82	
	200	92.82	



**Tabla 3.29.** Descripción de los resultados para 10 características usando el método árbol de decisión.

Características Optimizadas		10	
Método		Árbol de decisión	
Criterio de división	Número de división	Precisión (%)	
Índice de diversidad de Gini	10	90.77	
	<b>50</b>	<b>92.82</b>	
	100	91.28	
	200	91.28	
Regla de Twoing	10	91.28	
	50	91.28	
	100	91.28	
	200	92.31	
Reducción desviación Máxima	10	91.28	
	50	90.77	
	100	90.77	
	200	90.77	

**Tabla 3.30.** Descripción de los resultados para 11 características usando el método árbol de decisión.

Características Optimizadas		11	
Método		Árbol de decisión	
Criterio de división	Número de división	Precisión (%)	
Índice de diversidad de Gini	10	90.26	
	50	90.26	
	100	89.74	
	200	89.23	
Regla de Twoing	10	89.74	
	50	89.74	
	100	89.74	
	200	90.26	
Reducción desviación Máxima	10	90.77	
	50	90.26	
	<b>100</b>	<b>91.28</b>	
	200	91.28	

**Tabla 3.31.** Descripción de los resultados para 12 características usando el método árbol de decisión.

Características Optimizadas		12	
Método		Árbol de decisión	
Criterio de división	Número de división	Precisión (%)	
Índice de diversidad de Gini	10	90.26	
	50	88.72	
	100	89.23	
	200	90.26	
Regla de Twoing	10	89.23	
	50	89.23	

	100	88.92
	200	89.74
Reducción desviación Maxima	10	90.77
	50	90.77
	<b>100</b>	<b>91.28</b>
	200	90.77

**Tabla 3.32.** Descripción de los resultados para 13 características usando el método árbol de decisión.

Características Optimizadas		13	
Método		Árbol de decisión	
Criterio de división	Número de división	Precisión (%)	
Índice de diversidad de Gini	10	89.23	
	50	90.26	
	100	89.74	
	200	89.23	
Regla de Twoing	10	88.72	
	50	89.23	
	100	90.77	
	200	90.77	
Reducción desviación Maxima	<b>10</b>	<b>92.31</b>	
	50	91.79	
	100	91.79	
	200	91.28	

**Tabla 3.33.** Descripción de los resultados para 14 características usando el método árbol de decisión.

Características Optimizadas		14	
Método		Árbol de decisión	
Criterio de división	Número de división	Precisión (%)	
Índice de diversidad de Gini	10	90.77	
	50	92.31	
	100	90.26	
	200	90.77	
Regla de Twoing	10	91.79	
	50	90.26	
	100	90.77	
	200	91.28	
Reducción desviación Maxima	<b>10</b>	<b>92.82</b>	
	50	92.31	
	100	92.31	
	200	91.79	

**Tabla 3.34.** Descripción de los resultados para 15 características usando el método árbol de decisión.

Características Optimizadas		15	
Método		Árbol de decisión	
Criterio de división	Número de división	Precisión (%)	
Índice de diversidad de Gini	10	90.77	
	50	90.77	
	100	90.26	
	200	90.26	
Regla de Twoing	10	92.31	
	50	90.26	
	100	90.26	
	200	90.26	
Reducción desviación Maxima	<b>10</b>	<b>93.33</b>	
	50	92.31	
	100	92.82	
	200	92.82	

**Tabla 3.35.** Descripción de los resultados para 5 características usando el método KNN.

Características Optimizadas		5	
Método		KNN	
Métricas de Distancia	Número de vecinos	Precisión (%)	
Euclideana	1	92.31	
	2	92.31	
	<b>3</b>	<b>93.85</b>	
City Block	1	91.79	
	2	91.79	
	3	93.85	
Chebyshev	1	92.82	
	2	91.28	
	3	93.85	

**Tabla 3.36.** Descripción de los resultados para 6 características usando el método KNN.

Características Optimizadas		6	
Método		KNN	
Métricas de Distancia	Número de vecinos	Precisión (%)	
Euclideana	1	92.31	
	2	92.31	
	<b>3</b>	<b>92.82</b>	
City Block	1	91.28	
	2	92.31	
	3	92.81	
Chebyshev	1	92.31	
	2	89.74	
	3	91.79	

**Tabla 3.37.** Descripción de los resultados para 7 características usando el método KNN.

Características Optimizadas		7	
Método		KNN	
Métricas de Distancia	Número de vecinos	Precisión (%)	
Euclideana	1	92.82	
	2	92.31	
	3	92.82	
City Block	1	93.33	
	2	92.82	
	<b>3</b>	<b>93.85</b>	
Chebyshev	1	90.77	
	2	90.26	
	3	91.79	

**Tabla 3.38.** Descripción de los resultados para 8 características usando el método KNN.

Características Optimizadas		8	
Método		KNN	
Métricas de Distancia	Número de vecinos	Precisión (%)	
Euclideana	1	94.87	
	2	93.33	
	3	93.85	
City Block	<b>1</b>	<b>95.38</b>	
	2	94.87	
	3	94.36	
Chebyshev	1	92.31	
	2	91.28	
	3	92.82	

**Tabla 3.39.** Descripción de los resultados para 9 características usando el método KNN.

Características Optimizadas		9	
Método		KNN	
Métricas de Distancia	Número de vecinos	Precisión (%)	
Euclideana	1	95.90	
	2	94.87	
	3	94.87	
City Block	1	95.90	
	2	95.38	
	<b>3</b>	<b>96.41</b>	
Chebyshev	1	89.23	
	2	90.26	
	3	90.77	

**Tabla 3.40.** Descripción de los resultados para 10 características usando el método KNN.

Características Optimizadas		10	
Método		KNN	
Métricas de Distancia	Número de vecinos	Precisión (%)	
Euclideana	1	95.90	
	2	93.33	
	3	93.85	
City Block	<b>1</b>	<b>97.95</b>	
	2	95.38	
	3	95.38	
Chebyshev	1	89.74	
	2	88.72	
	3	90.77	

**Tabla 3.41.** Descripción de los resultados para 11 características usando el método KNN.

Características Optimizadas		11	
Método		KNN	
Métricas de Distancia	Número de vecinos	Precisión (%)	
Euclideana	1	95.90	
	2	93.85	
	3	93.33	
City Block	<b>1</b>	<b>96.92</b>	
	2	96.92	
	3	96.41	
Chebyshev	1	89.74	
	2	89.23	
	3	91.28	

**Tabla 3.42.** Descripción de los resultados para 12 características usando el método KNN.

Características Optimizadas		12	
Método		KNN	
Métricas de Distancia	Número de vecinos	Precisión (%)	
Euclideana	1	95.38	
	2	94.36	
	3	93.33	
City Block	<b>1</b>	<b>96.41</b>	
	2	96.41	
	3	96.41	
Chebyshev	1	89.74	
	2	89.74	
	3	91.79	

**Tabla 3.43.** Descripción de los resultados para 13 características usando el método KNN.

Características Optimizadas		13	
Método		KNN	
Métricas de Distancia	Número de vecinos	Precisión (%)	
Euclideana	1	95.9	
	2	93.85	
	3	94.36	
City Block	1	95.38	
	2	94.87	
	3	94.87	
Chebyshev	1	90.26	
	2	90.26	
	3	90.77	

**Tabla 3.44.** Descripción de los resultados para 14 características usando el método KNN.

Características Optimizadas		14	
Método		KNN	
Métricas de Distancia	Número de vecinos	Precisión (%)	
Euclideana	1	95.38	
	2	95.38	
	3	95.38	
City Block	1	94.87	
	2	90.77	
	3	93.85	
Chebyshev	1	92.31	
	2	92.31	
	3	92.31	

**Tabla 3.45.** Descripción de los resultados para 15 características usando el método KNN.

Características Optimizadas		15	
Método		KNN	
Métricas de Distancia	Número de vecinos	Precisión (%)	
Euclideana	1	94.87	
	2	90.77	
	3	92.82	
City Block	1	95.37	
	2	92.31	
	3	92.31	
Chebyshev	1	93.33	
	2	92.31	
	3	92.31	

**Tabla 3.46.** Descripción de los resultados para 5 características usando el método SVM.

Características Optimizadas		5	
Método		SVM	
Función del Kernel	Restricción de caja	Precisión (%)	
Lineal	1	85.64	
	5	85.64	
	10	85.64	
Cuadrático	1	89.23	
	5	89.74	
	10	90.26	
Cubico	<b>1</b>	<b>91.28</b>	
	5	90.26	
	10	90.26	

**Tabla 3.47.** Descripción de los resultados para 6 características usando el método SVM.

Características Optimizadas		6	
Método		SVM	
Función del Kernel	Restricción de caja	Precisión (%)	
Lineal	1	86.67	
	5	86.15	
	10	86.15	
Cuadrático	1	90.77	
	5	90.77	
	10	90.77	
Cubico	1	90.77	
	<b>5</b>	<b>91.28</b>	
	10	90.77	

**Tabla 3.48.** Descripción de los resultados para 7 características usando el método SVM.

Características Optimizadas		7	
Método		SVM	
Función del Kernel	Restricción de caja	Precisión (%)	
Lineal	1	87.69	
	5	87.18	
	10	87.69	
Cuadrático	1	90.77	
	5	90.26	
	10	90.26	
Cubico	<b>1</b>	<b>91.79</b>	
	5	91.79	
	10	91.79	

**Tabla 3.49.** Descripción de los resultados para 8 características usando el método SVM.

Características Optimizadas		8	
Método		SVM	
Función del Kernel	Restricción de caja	Precisión (%)	
Lineal	1	86.67	
	5	86.67	
	10	87.18	
Cuadrático	1	94.36	
	5	94.87	
	10	94.36	
Cubico	<b>1</b>	<b>95.90</b>	
	5	94.36	
	10	94.36	

**Tabla 3.50.** Descripción de los resultados para 9 características usando el método SVM.

Características Optimizadas		9	
Método		SVM	
Función del Kernel	Restricción de caja	Precisión (%)	
Lineal	1	88.72	
	5	88.72	
	10	88.21	
Cuadrático	1	91.79	
	5	91.28	
	10	91.70	
Cubico	<b>1</b>	<b>93.33</b>	
	5	91.28	
	10	92.31	

**Tabla 3.51.** Descripción de los resultados para 10 características usando el método SVM.

Características Optimizadas		10	
Método		SVM	
Función del Kernel	Restricción de caja	Precisión (%)	
Lineal	1	88.21	
	5	88.21	
	10	87.69	
Cuadrático	1	91.79	
	5	91.28	
	10	91.79	
Cubico	<b>1</b>	<b>93.85</b>	
	5	93.33	
	10	92.82	



**Tabla 3.52.** Descripción de los resultados para 11 características usando el método SVM.

Características Optimizadas		11	
Método		SVM	
Función del Kernel	Restricción de caja	Precisión (%)	
Lineal	1	88.21	
	5	88.72	
	10	88.72	
Cuadrático	1	92.31	
	5	90.26	
	10	91.28	
Cubico	1	92.82	
	<b>5</b>	<b>93.33</b>	
	10	92.82	

**Tabla 3.53.** Descripción de los resultados para 12 características usando el método SVM.

Características Optimizadas		12	
Método		SVM	
Función del Kernel	Restricción de caja	Precisión (%)	
Lineal	1	89.23	
	5	89.74	
	10	89.74	
Cuadrático	1	91.28	
	<b>5</b>	<b>92.82</b>	
	10	93.85	
Cubico	1	94.36	
	5	94.36	
	10	93.33	

**Tabla 3.54.** Descripción de los resultados para 13 características usando el método SVM.

Características Optimizadas		13	
Método		SVM	
Función del Kernel	Restricción de caja	Precisión (%)	
Lineal	1	88.72	
	5	89.23	
	10	88.72	
Cuadrático	1	91.79	
	5	91.79	
	10	90.26	
Cubico	<b>1</b>	<b>92.31</b>	
	5	92.31	
	10	91.79	

**Tabla 3.55.** Descripción de los resultados para 14 características usando el método SVM.

Características Optimizadas		14
Método		SVM
Función del Kernel	Restricción de caja	Precisión (%)
Lineal	1	89.74
	5	89.74
	10	89.74
Cuadrático	1	91.79
	5	92.31
	10	93.85
Cubico	<b>1</b>	<b>94.36</b>
	5	94.36
	10	94.36

**Tabla 3.56.** Descripción de los resultados para 15 características usando el método SVM.

Características Optimizadas		15
Método		SVM
Función del Kernel	Restricción de caja	Precisión (%)
Lineal	1	89.74
	5	89.74
	10	89.74
Cuadrático	1	91.28
	5	90.77
	10	92.31
Cubico	<b>1</b>	<b>94.36</b>
	5	93.85
	10	93.85

El número de características optimizadas con mayor precisión fue la de **10 características** haciendo uso del modelo KNN con la métrica City Block y 1 vecino y la validación 10-fold Cross-Validation obteniendo un valor de precisión del **97.95%** (Ver Tabla 3.40). Teniendo en cuenta esta información, en la Tabla 3.57 se presenta la descripción de las 10 características seleccionadas.

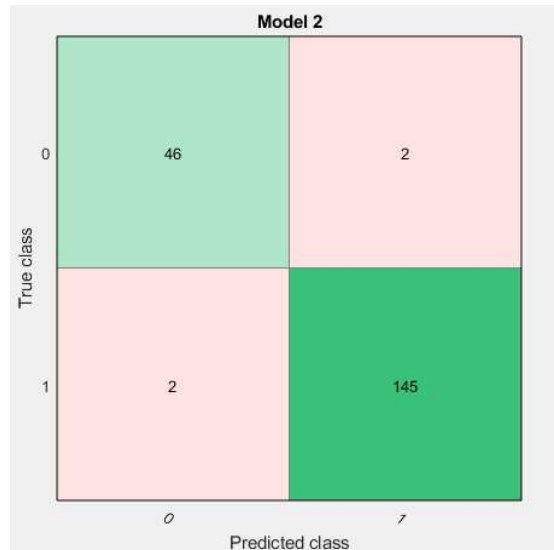
**Tabla 3.57.** Descripción de las 10 características optimizadas

<b>Características optimizadas</b>	<b>Nombre de característica</b>	<b>Descripción</b>
2	MDVPFhi(Hz)	Frecuencia Fundamental Máxima
3	MDVPFfo(Hz)	Frecuencia Fundamental Mínima
5	MDVPJitterAbs	Diferencia absoluta promedio entre periodos consecutivos de frecuencia fundamental
8	JitterDDP	Diferencia absoluta promedio entre diferencias consecutivas entre periodos consecutivos
13	MDVPAPQ	Cociente de perturbación de amplitud de once puntos
17	PPE	Entropía del período de tono
18	RPDE	Periodo de recurrencia densidad entropía
19	DFA	Análisis de fluctuación descendente
21	Spread2	Medida no lineal de frecuencia fundamental
22	D2	Dimensión de correlación

\*MDVP significa Programa Multidimensional de Voz (*Multidimensional Voice Program*)

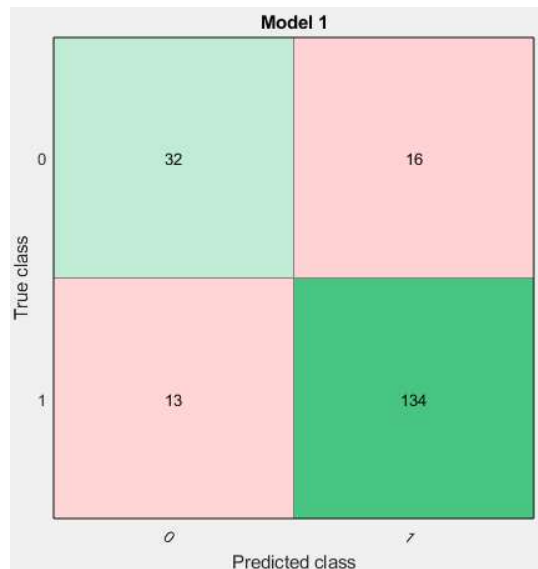
Para evaluar el desempeño del algoritmo con el mejor resultado para la clasificación, se hace uso de la matriz de confusión de este experimento y nos indica que, considerando que 0 representa a los pacientes sanos y 1 a los pacientes enfermos, de los 195 registros de la base de datos, 46 registros de personas sanas fueron predichas como sanas, 145 personas enfermas fueron predichas como tal, y 2 personas enfermas fueron predichas como sanas mientras que 2 personas sanas fueron predichas como enfermas como se observa en la Figura 3.1.

El menor valor de precisión se presenta para la selección de 5 características, haciendo uso del método del árbol de decisión con el criterio de división de Desviación Máxima, con un número de división igual a 100 y con validación *10-fold Cross-Validation* obteniendo un valor de precisión del 85.64%.



**Figura 3.1.** Matriz de confusión para 10 características con KNN y 10-Fold Cross Validation

En este caso, la matriz de confusión presenta que, de los 195 registros de la base de datos, 29 registros de personas sanas fueron predichas como sanas, 129 registros de personas enfermas fueron predichas como tal, y 18 personas enfermas fueron predichas como sanas mientras que 19 personas sanas fueron predichas como enfermas en base a las 9 características seleccionadas como se indica en la Figura 3.2.



**Figura 3.2.** Matriz de confusión para 5 características con Árbol de decisión y 10-Fold Cross Validation

### 3.2 COMPARACIÓN CON OTROS MÉTODOS DE SELECCIÓN DE CARACTERÍSTICAS

Como se puede observar en la Tabla 3.58, se realiza una comparación objetiva de los resultados que se han obtenido en este estudio técnico en relación con otras investigaciones que también han hecho uso del conjunto de datos *Parkinson Data Set*. De acuerdo con la precisión obtenida, se puede considerar a las 10 características importantes para el proceso de clasificación de la enfermedad de Parkinson en estudios futuros y tomar en consideración un nuevo método de ayuda para la detección temprana de esta enfermedad usando un método no invasivo y de bajo costo.

**Tabla 3.58.** Comparación con otros estudios que han utilizado el conjunto de datos “*Parkinson Data Set*”

Estudio	Características seleccionadas	Método	Método de validación	Precisión (%)
Suitability of Dysphonia Measurements for Telemonitoring of PD [40]	10	Filtro de preselección, búsqueda exhaustiva y clasificador SVM	Bootstrap resampling con 50 replicas	91.40%
Nonlinear Models Using Dirichlet Process Mixtures [52]	10	Mezclas de procesos Dirichlet	5-fold Cross Validation	87.70%
Feature selection using fuzzy entropy measures with similarity classifier [42]	2	Medidas de entropía difusa y similitud	Hold out	85.03%
SVM Feature Selection Based Rotation Forest Ensemble Classifiers to Improve Computer-Aided Diagnosis of PD [43]	10	Rotation Forest e lbk	10-fold Cross Validation	95.89%
Computer-aided diagnosis of parkinson's disease using complex-valued neural networks and mRMR feature selection algorithm [36]	12	mRMR y red neuronal artificial de valor complejo (CVANN)	10-fold Cross Validation	98.12%
Presente estudio técnico	10	mRMR y KNN	10-fold Cross Validation	97.95%

## 4 CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

### 4.1 CONCLUSIONES

Durante el estudio técnico, se logró seleccionar algunas características de la voz mediante el uso de algoritmos genéticos (AG), ya que los AG optimizan la selección de características de acuerdo a una función de *fitness* seleccionada (en nuestro caso mRMR).

Existen bases de datos de pacientes con la EP que contienen incongruencias referentes a los registros de voz tales como registros de voz sin audio, volumen de grabación bajo, tiempo de grabación corto, etc., como por ejemplo la base de datos *PVA dryrun*. Por esta razón, surgió la necesidad de utilizar una base de datos más confiable como es el "*Parkinson Dataset*". Esta base de datos ha sido utilizada en diferentes estudios publicados en revistas reconocidas en el ámbito de la EP lo cual nos permitió comparar el trabajo realizado con dichas publicaciones.

Con base en los experimentos realizados, se estableció que el valor más alto de precisión en clasificación es de 97.95%, el cual se consigue optimizando 10 características mediante los AG y la aplicación del método de clasificación KNN y un vecino, con métrica de distancia *city block* y validación *10 fold Cross-Validation*. Dicho porcentaje solamente es superado por [36] de los cinco estudios comparados como se observa en la Tabla 3.58.

Se seleccionó el criterio de mínima redundancia y máxima relevancia (mRMR), con el propósito de determinar aquellas características de la voz que tengan máxima influencia para determinar la EP y al mismo tiempo evitar la redundancia. Dicho criterio fue acertado debido al alto valor de precisión obtenido de los experimentos realizados haciendo uso de métodos de clasificación y validación explicados en este estudio técnico.

Los experimentos realizados mostraron que mientras se disminuya el número de características a optimizar el valor de la función de *fitness* también disminuirá, sin que esto signifique que, un valor de función de *fitness* menor, conlleve a una mejor clasificación.

Los valores que se establecen en las opciones del algoritmo genético como son *crossover fraction* o *function tolerance*, son valores que se modifican dependiendo de los experimentos que se realicen, pero en el caso específico de este proyecto a pesar de las variantes que se realizaron con los mismos, los cambios en los resultados fueron mínimos, por lo que se optó por usar los valores por defecto.

## 4.2 RECOMENDACIONES

Es recomendable analizar bases de datos con información más detallada acerca de la condición de salud del paciente, empleando escalas como UPDRS y H&R, con el propósito de determinar el grado de enfermedad de los mismos. La base de datos utilizada en este estudio, además de proporcionar los valores de las características de la voz de los pacientes, solo añade información respecto del estado de su salud (enfermo o sano).

Se recomienda usar otros métodos tanto para realizar la selección de características, como para realizar la clasificación con el fin de tratar de mejorar la predicción.

Examinar otras funciones de *fitness*, con el propósito de buscar soluciones que tengan una mayor precisión en clasificación con respecto a otros estudios.

Para investigaciones futuras se recomienda el desarrollo de una base de datos con un mayor número de registros, en la que, además de contener los archivos de audio de los pacientes, se cuente con una mayor información respecto a la evolución de la enfermedad, medicación de los pacientes y el grado de enfermedad, con el fin de aplicar técnicas de "machine learning". El desarrollo de esta base de datos implicaría un trabajo multidisciplinario conformado por ingenieros, médicos y voluntarios.

## 5 REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] National Institute of Neurological Disorders and Stroke, “Enfermedad de Parkinson: Esperanza en la investigación,” *Diciembre 20*, 2016. [Online]. Available: [https://espanol.ninds.nih.gov/trastornos/parkinson\\_disease\\_spanish.htm#toc](https://espanol.ninds.nih.gov/trastornos/parkinson_disease_spanish.htm#toc). [Accessed: 11-Feb-2019].
- [2] L. M. I. Arteaga and J. D. Hernández, “Eficacia de la rehabilitación de la voz en etapas tempranas de la Enfermedad de Parkinson,” *Rev. Discapacidad, Clínica y Neurociencias*, vol. 3, no. April, pp. 42–47, 2016.
- [3] F. Martínez-Sánchez, “Trastornos del habla y la voz en la enfermedad de Parkinson.,” *Rev Neurol*, vol. 51, no. 9, pp. 542–550, 2010.
- [4] J. Arranz de la Peña and A. Parra, “Algoritmos Genéticos,” Universidad Carlos III, España, 2016.
- [5] J. Zambrano, “Exploración de nuevos métodos para la detección de la Enfermedad de Parkinson mediante la Voz,” Universidad Politécnica de Madrid, España, 2017.
- [6] B. Erdogan *et al.*, “Collection and Analysis of a Parkinson Speech Dataset With Multiple Types of Sound Recordings,” *IEEE J. Biomed. Heal. Informatics*, vol. 17, 2013.
- [7] B. De la Casa Fages, “Guía Informativa de la Enfermedad de Parkinson,” 2013.
- [8] R. Martínez-Fernández., C. Gasca-Salas C., Á. Sánchez-Ferro, and J. Ángel Obeso, “Actualización en la Enfermedad de Parkinson,” *Rev. Médica Clínica Las Condes*, vol. 27, no. 3, pp. 363–379, May 2016.
- [9] MedlinePlus, “Enfermedad de Parkinson,” *Diciembre 26*, 2018. [Online]. Available: <https://medlineplus.gov/spanish/parkinsonsdisease.html>. [Accessed: 12-Feb-2019].
- [10] R. Bahena-Trujillo, G. Flores, and J. A. Arias-Montaño, “Dopamina: síntesis, liberación y receptores en el Sistema Nervioso Central,” *Rev. BIOMÉDICA*, vol. 11, no. 1, pp. 39–60, 2000.
- [11] F. E. Micheli, *Enfermedad de Parkinson y trastornos relacionados*, Editorial. Buenos Aires: Médica Panamericana, 2006.
- [12] J. C. Montero Torrejon and J. Carranza, Herrera, “Transtornos de la voz,” *Fac. Farm. la Universidad Sevilla*, vol. 17, no. 3, pp. 56–65, Mar. 1987.



- [13] M. C. Osorio, "Mecanismos de Emisión de la Voz," Cali, Colombia, pp. 93–95, Dec-1992.
- [14] "Escala de Hoehn y Yahr," 2018. [Online]. Available: [https://es.wikidia.org/wiki/Escala\\_de\\_Hoehn\\_y\\_Yahr](https://es.wikidia.org/wiki/Escala_de_Hoehn_y_Yahr). [Accessed: 12-Feb-2019].
- [15] E. Alvarez, L. Alvarez, M. León, O. Rivera, and C. Maragoto, "Rehabilitación del lenguaje en la enfermedad de Parkinson," *Rev. Mex. Neurocienc.*, vol. 2, no. 4, pp. 241–244, 2001.
- [16] N. Naiman and F. Disant, "Cirugía de la insuficiencia velofaríngea," Lyon, France, p. 16, Jun-2007.
- [17] R. Cano de la Cuerda, A. Macias Jimenez, V. Crespo Sanchez, and M. Morales Cabezas, "Escalas de valoración y tratamiento fisioterápico en la enfermedad de Parkinson," *Fisioterapia*, vol. 26, no. 4, pp. 201–210, Jan. 2004.
- [18] V. Berlanga-Silvente, V. Berlanga-Silvente, M.-J. Rubio-Hurtado, and R. V. Baños, "Com aplicar arbres de decisió en SPSS," *REIRE Rev. d'Innovació i Recer. en Educ.*, vol. 6, no. 1, pp. 65–79, Jan. 2013.
- [19] R. Barrientos and N. Cruz, "Árboles de decisión como herramienta en el diagnóstico médico," Veracruz, 2009.
- [20] F. Núñez-Batalla, J. P. Díaz-Molina, M. Costales-Marcos, C. Moreno Galindo, and C. Suárez-Nieto, "Neurolaringología," *Acta Otorrinolaringológica Española*, vol. 63, no. 2, pp. 132–140, Mar. 2012.
- [21] M. Gestal, D. Rivero, J. Rabuñal, J. Dorado, and A. Pazos, *Introducción a los Algoritmos Genéticos y la Programación Genética*. 2010.
- [22] M. Morales, "La influencia de Darwin en el pensamiento científico contemporáneo," vol. XXII, no. 3, 2009.
- [23] C. Monzo, E. Martínez, and I. Iriando, "Procedimiento para la medida y la modificación del jitter y del shimmer aplicado a la síntesis del habla expresiva," 2014.
- [24] A. Tsanas, "Accurate telemonitoring of Parkinson's disease symptom severity using nonlinear speech signal processing and statistical machine learning," *Thesis*, no. June, p. 261, 2012.
- [25] A. Moreno Méndez, M. Álvarez Tenorio, M. Bejarano Paez, and C. Pulido Garzón, "Parámetros Acústicos de la voz en el adulto mayor," *Umbral Cient.*, vol. 17, 2010.

- [26] J. Delgado Hernández and L. Izquierdo Arteaga, "Eficacia de la Rehabilitación de la Voz en Etapas Tempranas de la Enfermedad de Parkinson," *Rev. Discapac. Cinica Neurociencias*, vol. 3, no. 1, pp. 42–47, 2016.
- [27] M. Paz, "Análisis Acústico de la Voz PRAAT," *Universidad Pedro de Valdivia*, 2013. [Online]. Available: <https://es.scribd.com/doc/181612193/Analisis-Acustico-de-la-Voz>. [Accessed: 12-Feb-2019].
- [28] X. Bravo, "Parámetros Acústicos De La Voz Normal En Una Población De Adultos Jóvenes En Santiago De Cali," *Universidad del Valle*, 2013.
- [29] C. Rincón Llorente, "Diseño, implementación y evaluación de técnicas de identificación de emociones a través de la voz," *Universidad Politécnica de Madrid*, 2007.
- [30] L. Herrera Nieves, "La voz, el habla y sus fundamentos," 2010. [Online]. Available: <https://es.slideshare.net/lherreran/la-voz-y-el-habla-10057483>. [Accessed: 12-Feb-2019].
- [31] J. Arranz de la Peña and A. Parra Truyol, "Algoritmos genéticos," *Intell. en Redes Comun.*, p. 8, 2007.
- [32] M. Rodriguez Muro, "Optimizacion de la genotipificacion de ADN como un problema de Seleccion de Caracteristicas," *Universidad de las Américas Puebla*, 2005.
- [33] D. Goldberg, "Genetic algorithms in search, optimization, and machine learning.," *Addison-Weasley*, 1989.
- [34] J. Schaffer, "A study of control parameters affecting online performance of genetic algorithms for function optimization.," *San Mateo, California*, 1989.
- [35] C. Muñoz Meza, "Estudio comparativo de técnicas de selección de características para la clasificación de lesiones de mama en ultrasonografía," *Instituto Politécnico Nacional*, 2014.
- [36] M. Peker, B. Şen, and D. Delen, "Computer-aided diagnosis of Parkinson's disease using complex-valued neural networks and mRMR feature selection algorithm," *J. Healthc. Eng.*, vol. 6, no. 3, pp. 281–302, 2015.
- [37] MathWorks, "Global Optimization Toolbox - MATLAB." [Online]. Available: <https://la.mathworks.com/products/global-optimization.html>. [Accessed: 12-Feb-2019].

- [38] MathWorks, "GA." [Online]. Available: <https://la.mathworks.com/help/gads/ga.html>. [Accessed: 12-Feb-2019].
- [39] R. Arefi Shirvan and E. Tahami, "Voice Analysis for Detecting Parkinson's Disease," *18th Iran. Conf. Biomed. Eng.*, vol. 14–16, pp. 550–555, 2016.
- [40] M. A. Little, P. E. Mcsharry, E. J. Hunter, J. Spielman, and L. O. Ramig, "Suitability of Dysphonia Measurements for Telemonitoring of Parkinson's Disease," *IEEE Trans. Biomed. Eng.*, vol. 56, no. 4, pp. 1015–1022, 2009.
- [41] R. Das, "A comparison of multiple classification methods for diagnosis of Parkinson disease," *Expert Syst. Appl.*, vol. 37, no. 2, pp. 1568–1572, 2010.
- [42] K. Polat, "Classification of Parkinson's disease using feature weighting method on the basis of fuzzy C-means clustering," *Int. J. Syst. Sci.*, vol. 43, no. 4, pp. 597–609, Apr. 2012.
- [43] A. Ozcift, "SVM Feature Selection Based Rotation Forest Ensemble Classifiers to Improve Computer-Aided Diagnosis of Parkinson Disease," *J. Med. Syst.*, vol. 36, no. 4, pp. 2141–2147, Aug. 2012.
- [44] MathWorks, "Cross-Validation," *MATLAB & Simulink*. [Online]. Available: <https://la.mathworks.com/discovery/cross-validation.html>. [Accessed: 12-Feb-2019].
- [45] A. Tsanas, M. A. Little, P. E. McSharry, and L. O. Ramig, "Enhanced classical dysphonia measures and sparse regression for telemonitoring of Parkinson's disease progression," in *2010 IEEE International Conference on Acoustics, Speech and Signal Processing*, 2010, pp. 594–597.
- [46] S. R. Sonu, V. Prakash, R. Ranjan, and K. Saritha, "Prediction of Parkinson's disease using data mining," in *2017 International Conference on Energy, Communication, Data Analytics and Soft Computing (ICECDS)*, 2017, pp. 1082–1085.
- [47] E. Aguado González, "Detección Automática de Anomalías en Patrullaje Robotizado," Universidad Politécnica de Madrid, 2017.
- [48] "Matrices de confusión - EcuRed." [Online]. Available: [https://www.ecured.cu/Matrices\\_de\\_confusión](https://www.ecured.cu/Matrices_de_confusión). [Accessed: 23-Feb-2019].
- [49] "Unified Parkinson's Disease Rating Scale (UPDRS) – Grupo de Estudio de Trastornos del Movimiento." [Online]. Available: <http://getm.sen.es/escalas-de-valoracion/unified-parkinsons-disease-rating-scale-updrs/>. [Accessed: 22-Mar-

2019].

- [50] P. Luukka, "Feature selection using fuzzy entropy measures with similarity classifier," *Expert Syst. Appl.*, vol. 38, no. 4, pp. 4600–4607, Apr. 2011.
- [51] J. Cortés de la Fuente Director and V. Moreno Aguado, "La información mutua como medida de asociación y su utilidad en análisis genéticos," Universitat Politècnica de Catalunya, España, 2011.
- [52] B. Shahbaba and R. Neal, "Nonlinear Models Using Dirichlet Process Mixtures," *J. Mach. Learn. Res.*, vol. 10, pp. 1829–1850, 2009

# ANEXOS

## ANEXO A

### RESULTADOS OBTENIDOS EN LA OPTIMIZACIÓN DE CARACTERÍSTICAS

En esta sección se presentan las matrices de confusión de los experimentos que obtuvieron el mayor valor de precisión en la optimización de característica de los experimentos realizados.

Tabla A. 1. Matrices de confusión para 5 características optimizadas.

Optimización de características					
Características	5		Método	KNN	
Métrica de Distancia	Euclidean	Num. De vecinos	3	Precisión	93.85
<b>Model 2.6</b>					
True class	0	40	8		
	1	7	140		
		0	1		
		Predicted class			

Tabla A. 2. Matrices de confusión para 6 características optimizadas.

Optimización de características					
Características	6		Método	KNN	
Métrica de Distancia	Euclidean	Num. De vecinos	3	Precisión	92.82
<b>Model 6</b>					
True class	0	47		1	
	1	13		134	
		0		1	
		Predicted class			

Tabla A. 3. Matrices de confusión para 7 características optimizadas.

Optimización de características					
Características	7		Método	KNN	
Métrica de Distancia	City Block	Num. De vecinos	3	Precisión	93.85
<b>Model 2.6</b>					
True class	0	40	8		
	1	7	140		
		0	1	Predicted class	

Tabla A. 4. Matrices de confusión para 8 características optimizadas.

Optimización de características					
Características	8		Método	SVM	
Función de Kernel	Cúbico	Número De vecinos	1	Precisión	95.90
<b>Model 6</b>					
True class	0	43	5		
	1	4	143		
		<i>0</i>	<i>1</i>	Predicted class	



Tabla A. 5. Matrices de confusión para 9 características optimizadas.

Optimización de características					
Características	9		Método	KNN	
Métrica de distancia	City Block	Número de vecinos	3	Precisión	96.41
<b>Model 6</b>					
True class	0	43	5		
	1	4	143		
		<i>0</i>	<i>1</i>	Predicted class	

Tabla A. 6. Matrices de confusión para 10 características optimizadas.

Optimización de características					
Características	10		Método	KNN	
Métrica de distancia	City Block	Número de vecinos	1	Precisión	97.95
<b>Model 2</b>					
True class	0	46		2	
	1	2		145	
		0		1	
		Predicted class			

Tabla A. 7. Matrices de confusión para 11 características optimizadas.

Optimización de características					
Características	11		Método	KNN	
Métrica de distancia	City Block	Número de vecinos	1	Precisión	96.92
<b>Model 4</b>					
True class	0	47	1		
	1	5	142		
		0	1	Predicted class	

Tabla A. 8. Matrices de confusión para 12 características optimizadas.

Optimización de características					
Características	12		Método	KNN	
Métrica de distancia	City Block	Número de vecinos	1	Precisión	96.41
<b>Model 6</b>					
True class	0	43	5		
	1	4	143		
		0	1	Predicted class	

Tabla A. 9. Matrices de confusión para 12 características optimizadas.

Optimización de características					
Características	13		Método	KNN	
Métrica de distancia	City Block	Número de vecinos	1	Precisión	95.90
<b>Model 6</b>					
True class	0	43	5		
	1	4	143		
		0	1	Predicted class	

Tabla A. 10. Matrices de confusión para 12 características optimizadas.

Optimización de características					
Características	14		Método	KNN	
Métrica de distancia	City Block	Número de vecinos	1	Precisión	95.38
<b>Model 1.18</b>					
True class	0	41	7		
	1	2	145		
		0	1	Predicted class	

Tabla A. 11. Matrices de confusión para 12 características optimizadas.

Optimización de características					
Características	15		Método	KNN	
Métrica de distancia	City Block	Número de vecinos	1	Precisión	95.37
<b>Model 1.13</b>					
True class	0	45	3		
	1	6	141		
		0	1	Predicted class	

## ANEXO B

En el siguiente Anexo, se presenta una encuesta que se realiza para determinar el valor de UPDRS a los pacientes que padecen la EP. [49]

### **I ESTADO MENTAL. COMPORTAMIENTO Y ESTADO DE ANIMO**

**(En la semana previa. Historia)**

#### **1. ALTERACION DEL INTELLECTO:**

0 = Nula.

1 = Leve, Falta de memoria evidente, con recuerdo parcial de los acontecimientos, sin otras dificultades.

2 = Pérdida moderada de memoria, con desorientación y dificultad moderada para la resolución de problemas más complejos. Alteración funcional discreta, pero evidente en el hogar con necesidad de recordarle ocasionalmente las cosas.

3 = Pérdida grave de memoria con desorientación temporal y, con frecuencia, espacial. La capacidad para resolver problemas está muy alterada.

4 = Pérdida grave de memoria, conservando solamente la orientación personal. Incapacidad para elaborar juicios o resolver problemas. Requiere mucha ayuda para mantener el cuidado personal. No se puede quedar solo.

#### **2. TRASTORNOS DEL PENSAMIENTO (Por demencia o intoxicación por fármacos):**

0 = No hay.

1 = Ensueños vívidos.

2 = Alucinaciones «benignas», conservando la capacidad de discernir.

3 = Alucinaciones o delirios de ocasionales a frecuentes. Sin capacidad de discernir. Pueden interferir con las actividades diarias.

4 = Alucinaciones o delirios persistentes o psicosis florida. Incapaz de cuidar de sí mismo.

#### **3. DEPRESIÓN:**

0 = No hay.

1 = Períodos de tristeza o sentimientos de culpa mayores de lo normal, aunque nunca mantenidos durante días o semanas.

2 = Depresión mantenida (1 semana o más).

3 = Depresión mantenida con síntomas vegetativos (insomnio, anorexia, pérdida de peso, pérdida de interés).

4 = Depresión mantenida, con síntomas vegetativos y pensamientos o intento de suicidio.

#### **4. MOTIVACIÓN-INICIATIVA:**

0 = Normal.

1 = Menos pujante de lo habitual; más pasivo.

2 = Pérdida de iniciativa o desinterés en cuanto a actividades opcionales (no rutinarias).

3 = Pérdida de iniciativa o desinterés en las actividades de cada día (rutinarias).

4 = Aislado, apartado; pérdida total de la motivación.

PUNTUACIÓN TOTAL SUBESCALA I: /16.

### **II ACTIVIDADES DE LA VIDA DIARIA**

#### **5. LENGUAJE:**

0 = Normal

1 = Discretamente alterado. No hay dificultad para entender

2 = Moderadamente alterado. A veces hay que pedirle que repita algo.

3 = Muy alterado. Hay que pedirle con frecuencia que repita.

4 = Ininteligible la mayor parte del tiempo.

#### **6. SALIVACIÓN:**

0 = Normal.

1 = Exceso de saliva en la boca, discreto pero evidente; puede haber babeo durante la noche.

2 = Moderado exceso de saliva; puede haber mínimo babeo.

3 = Marcado exceso de saliva con cierto grado de babeo.

4 = Marcado babeo; requiere constantemente gasa o pañuelo.

#### **7. DEGLUCIÓN:**

0 = Normal.

1 = Rara vez se atraganta.

2 = Se atraganta ocasionalmente.

3 = Requiere dieta blanda.

4 = Requiere alimentación por sonda nasogástrica o gastrostomía.



**8. ESCRITURA:**

- 0 = Normal
- 1 = Discretamente lenta o pequeña.
- 2 = Moderadamente lenta o pequeña; todas las palabras son legibles.
- 3 = Muy alterada; no son legibles todas las palabras.
- 4 = La mayoría de las palabras son ilegibles.

**9. CORTAR ALIMENTOS Y MANEJAR CUBIERTOS:**

- 0 = Normal.
- 1 = Algo lento y torpe, pero no necesita ayuda.
- 2 = Puede cortar la mayoría de los alimentos, aunque con torpeza y lentitud; necesita cierta ayuda.
- 3 = Le tienen que cortar los alimentos, pero aún puede alimentarse con lentitud.
- 4 = Necesita ser alimentado.

**10. VESTIDO:**

- 0 = Normal.
- 1 = Algo lento, pero no requiere ayuda.
- 2 = Requiere ayuda en ocasiones para abotonarse, introducir los brazos por las mangas.
- 3 = Requiere bastante ayuda, puede hacer algunas cosas solo.
- 4 = Incapacitado.

**11 HIGIENE:**

- 0 = Normal
- 1 = Algo lento, pero no necesita ayuda.
- 2 = Necesita ayuda para ducharse o bañarse, o es muy lento en las actividades higiénicas
- 3 = Requieren ayuda para lavarse, cepillarse los dientes, peinarse, ir al retrete.
- 4 = Sonda de Foley u otras ayudas mecánicas.

**12 DAR VUELTAS EN CAMA Y AJUSTAR LA ROPA DE CAMA.**

- 0 = Normal.
- 1 = Algo lento y torpe, pero no precisa ayuda.
- 2 = Puede volverse solo o ajustar las sábanas, pero con gran dificultad.
- 3 = Puede iniciar la acción, pero no puede volverse o ajustar las sábanas solo.
- 4 = Incapacitado.

**13. CAÍDAS (Sin relación con el fenómeno de "congelación"):**

- 0 = Ninguna.
- 1 = Rara vez.
- 2 = Se cae ocasionalmente (menos de una vez al día).
- 3 = Se cae un promedio de una vez al día.
- 4 = Se cae más de una vez al día.

**14. "CONGELACIÓN" AL CAMINAR:**

- 0 = No hay.
- 1 = Rara vez aparece «congelación» al caminar; puede haber titubeo al inicio.
- 2 = «Congelación» ocasional al caminar.
- 3 = «Congelación» frecuente. A veces se cae por causa de este fenómeno.
- 4 = Caídas frecuentes por «congelación».

**15. CAMINAR:**

- 0 = Normal.
- 1 = Leve dificultad. Puede no balancear los brazos o puede tender a arrastrar las piernas.
- 2 = Dificultad moderada, pero requiere poca o ninguna ayuda.
- 3 = Trastorno grave de la marcha que requiere ayuda.
- 4 = No puede caminar, incluso con ayuda.

**16. TEMBLOR:**

- 0 = Ausente.
- 1 = Discreto; infrecuentemente presente. No resulta molesto para el paciente.
- 2 = Moderado; molesto para el paciente.
- 3 = Intenso; interfiere con muchas actividades.
- 4 = Marcado; interfiere la mayoría de las actividades.

**17. SINTOMAS SENSORIALES RELACIONADOS CON EL PARKINSONISMO**

- 0 = Normal
- 1 = Ocasionalmente tiene entumecimiento, hormigueo o dolorimiento discreto.
- 2 = Con frecuencia tiene entumecimiento, hormigueo o dolorimiento discreto; no resulta penoso.
- 3 = Frecuentes sensaciones dolorosas
- 4 = Dolor extremo.

PUNTUACION TOTAL SUBESCALA II: /52

### **III. EXPLORACIÓN DE ASPECTOS MOTORES**

#### **18. LENGUAJE:**

0 = Normal.

1 = Pérdida discreta de expresión, dicción y/o volumen.

2 = Monótono; farfullado, pero comprensible; moderadamente alterado.

3 = Muy alterado, difícil de comprender.

4 = Ininteligible.

#### **19. EXPRESIÓN FACIAL:**

0 = Normal.

1 = Mínima hipomimia; podría ser una cara inexpresiva («cara de póker») normal.

2 = Disminución discreta, pero claramente anormal, de la expresión facial.

3 = Hipomimia moderada; labios separados la mayor parte del tiempo.

4 = Cara «de máscara» o expresión fija con pérdida acusada o completa de la expresión facial; labios separados más de 6 mm.

#### **20. TEMBLOR DE REPOSO EN MMSS:**

0 = Ausente.

1 = Discreto e infrecuentemente presente.

2 = Discreto en amplitud y persistente, o de amplitud moderada pero presente sólo de forma intermitente.

3 = De amplitud moderada y presente la mayor parte del tiempo.

4 = De gran amplitud y presente la mayor parte del tiempo.

#### **21. TEMBLOR DE REPOSO EN MMII:**

0 = Ausente.

1 = Discreto e infrecuentemente presente.

2 = Discreto en amplitud y persistente, o de amplitud moderada pero presente sólo de forma intermitente.

3 = De amplitud moderada y presente la mayor parte del tiempo.

4 = De gran amplitud y presente la mayor parte del tiempo.

#### **22. TEMBLOR DE ACCION O POSTURAL DE LAS MANOS:**

0 = Ausente.

1 = Leve; presente con la acción.

2 = De amplitud moderada; presente con acción.

3 = De amplitud moderada al mantener la postura en el aire; así como con la acción.

4 = De gran amplitud; interfiere la alimentación.

#### **23. RIGIDEZ AXIAL: (Valorada según el movimiento pasivo de las grandes articulaciones, con el paciente relajado y sentado).**

0 = Ausente.

1 = Discreta o detectable solamente cuando se activa por movimientos en espejo o de otro tipo.

2 = Discreta a moderada.

3 = Intensa pero se consigue con facilidad el movimiento en toda su amplitud.

4 = Muy intensa; la amplitud del movimiento se logra con dificultad.

#### **24. RIGIDEZ EN MMSS: (Valorada según el movimiento pasivo de las grandes articulaciones, con el paciente relajado y sentado. No considerar la rigidez «en rueda dentada»):**

0 = Ausente.

1 = Discreta o detectable solamente cuando se activa por movimientos en espejo o de otro tipo.

2 = Discreta a moderada.

3 = Intensa, pero se consigue con facilidad el movimiento en toda su amplitud.

4 = Muy intensa; la amplitud del movimiento se logra con dificultad.

#### **25. RIGIDEZ EN MMII. (Valorada según el movimiento pasivo de las grandes articulaciones, con el paciente relajado y sentado. No considerar la rigidez «en rueda dentada»):**

0 = Ausente.

1 = Discreta o detectable solamente cuando se activa por movimientos en espejo o de otro tipo.

2 = Discreta a moderada.

3 = Intensa, pero se consigue con facilidad el movimiento en toda su amplitud.

4 = Muy intensa; la amplitud del movimiento se logra con dificultad.

#### **26. GOLPETEO DE LOS DEDOS. (El paciente golpea el pulgar con el índice en rápida sucesión y con la mayor amplitud posible; realizar con cada mano por separado).**

0 = Normal (15/5 segundos).

1 = Enlentecimiento discreto y/o reducción de la amplitud (11-14/5 segundos).

2 = Moderadamente alterado. Fatigoso de manera evidente y precoz. Puede haber detenciones ocasionales en el movimiento (7-10/5 segundos).

3 = Muy alterado. Frecuentes titubeos al iniciar los movimientos o detenciones mientras se realiza el movimiento (3-6/5 segundos).

4 = Apenas puede realizar la acción (0-2/5 segundos).

**27. MOVIMIENTOS ALTERNANTES CON LAS MANOS. (El paciente abre y cierra las manos rápida sucesión con la mayor amplitud posible).**

0 = Normal.

1 = Discreto enlentecimiento y/o reducción de la amplitud.

2 = Alteración moderada. Fatigoso de manera evidente y precoz. Puede haber detenciones ocasionales en el movimiento.

3 = Muy alterados. Frecuentes titubeos al iniciar los movimientos o detenciones mientras se realizan los movimientos.

4 = Apenas puede realizarlos.

**28. MOVIMIENTOS RAPIDOS ALTERNANTES DE MMSS. (movimientos de pronación-supinación de las manos, en sentido vertical, con la mayor amplitud posible y simultáneamente con ambas manos):**

0 = Normal

1 = Discreto enlentecimiento y/o reducción en amplitud.

2 = Moderadamente alterados. Fatigoso de manera evidente y precoz. Puede haber ocasionales detenciones en el movimiento.

3 = Muy alterados. Frecuentes titubeos al iniciar los movimientos o detenciones mientras se realizan los movimientos.

4 = Apenas puede realizarlos.

**29. AGILIDAD CON LOS MMII. (El paciente golpea con el talón en rápida sucesión levantando el pie entero del suelo; la amplitud del movimiento debe ser alrededor de 7,5 cm.):**

0 = Normal.

1 = Discreto enlentecimiento y/o reducción en amplitud.

2 = Moderadamente alterada. Fatigosa de manera evidente y precoz. Puede haber ocasionales detenciones en el movimiento.

3 = Muy alterada. Frecuentes titubeos al iniciar los movimientos o detenciones mientras se realiza el movimiento.

4 = Apenas puede realizar la acción.

**30. LEVANTARSE DE LA SILLA. (El paciente intenta levantarse de una silla de madera o metal de respaldo recto, con los brazos cruzados ante el pecho):**

0 = Normal.

1 = Lento, o puede necesitar más de un intento.

2 = Tiene que impulsarse con los brazos en la silla.

3 = Tiende a caer hacia atrás y puede tener que intentarlo más de una vez, pero puede conseguirlo sin ayuda.

4 = Incapaz de levantarse sin ayuda.

**31. POSTURA:**

0 = Erecta normal.

1 = Postura no muy erecta, discretamente encorvada; podía ser normal en una persona mayor.

2 = Postura moderadamente encorvada, claramente anormal. Puede inclinarse discretamente a un lado

3 = Postura muy encorvada, con cifosis. Puede inclinarse moderadamente a un lado.

4 = Flexión marcada con alteración postural extrema.

**32. MARCHA:**

0 = Normal.

1 = Camina lentamente; pueden arrastrar los pies, con paso cortos, pero sin festinación ni propulsión.

2 = Camina con dificultad, pero no requiere ayuda o muy escasa. Puede haber festinación, pasos cortos o propulsionados.

3 = Trastornos graves de la marcha que requieren ayuda.

4 = No puede caminar, incluso con ayuda.

**33. ESTABILIDAD POSTURAL. (respuesta al desplazamiento súbito posterior producido por un tirón de los hombros mientras el paciente permanece en bipedestación con los ojos abiertos y los pies discretamente separados; el paciente está avisado):**

0 = Normal.

1 = Retropulsión, pero se recupera sin ayuda.

2 = Ausencia de respuesta postural; se caería si no le sujetara el examinador.

3 = Muy inestable; tiende a perder el equilibrio espontáneamente.

4 = Incapaz de permanecer en pie sin ayuda.

**34. BRADIQUINESIA E HIPOQUINESIA. (Combina lentitud, titubeo, disminución del brazo, pequeña amplitud y pobreza de movimiento, en general):**

0 = No hay.

1 = Mínima lentitud que da al movimiento un carácter deliberado; podría ser normal en algunas personas. Amplitud posiblemente reducida.

2 = Lentitud y pobreza de movimientos, en grado leve, que es claramente anormal. Como alternativa, cierto grado de reducción en la amplitud.

3 = Lentitud, pobreza o pequeña amplitud de movimientos moderada.

4 = Lentitud, pobreza o pequeña amplitud de movimientos marcada.

PUNTUACIÓN TOTAL SUBESCALA III: /68.

**IV. COMPLICACIONES DEL TRATAMIENTO**

**(En la semana previa. Historia)**

**A). DISCINESIAS:**

**35. DURACIÓN. ¿Qué proporción del día vigil están presentes las discinesias?**

0 = Ninguna.

1 = 1-25% del día.

2 = 26-50% del día.

3 = 51-75% del día.

4 = 76-100% del día.

**36. INCAPACIDAD. ¿Hasta qué punto son incapacitaciones las discinesias?**

**(Información por historia; puede ser modificado por exploración en la consulta)**

0 = No incapacitan en absoluto.

1 = Discretamente incapacitantes.

2 = Moderadamente incapacitantes.

3 = Importantemente incapacitantes.

4 = Completamente incapacitantes.

**37. DISCINESIAS DOLOROSAS. ¿Son dolorosas las discinesias?**

0 = No son dolorosas.

1 = Discretamente.

2 = Moderadamente.

3 = Importantemente.

4 = Marcadamente.

**38. PRESENCIA DE DISTONIA MATUTINA:**

0 = No.

1 = Sí.

**B). FLUCTUACIONES CLÍNICAS:**

**39. ¿Hay PERÍODOS OFF PREDECIBLES en relación temporal con las dosis de medicación?**

0 = No.

1 = Sí.

**40. Hay PERÍODOS OFF IMPREDECIBLES en relación temporal con las dosis de medicación?**

0 = No.

1 = Sí.

**41. ¿Hay PERÍODOS OFF DE INSTAURACIÓN SÚBITA? (P. ej.: en unos segundos):**

0 = No.

1 = Sí.

**42. ¿Qué PROPORCIÓN DEL DÍA vigil está el paciente en OFF, de promedio?**

0 = Ninguna.

1 = 1-25% del día.

2 = 26-50% del día.

3 = 51-75% del día.

4 = 76-100% del día.

**C). OTRAS COMPLICACIONES:**

**43. ¿TIENE EL PACIENTE ANOREXIA, NAUSEAS O VOMITOS?**

0 = No

1 = Sí.

**44. ¿TIENE EL PACIENTE TRASTORNOS DEL SUEÑO. P.ej., INSOMNIO O HIPERSOMNIA?.**

0 = No

1 = Sí.

**45. ¿TIENE EL PACIENTE OSTOSTATISMO SINTOMÁTICO?**

0 = No.

1 = Sí.

PUNTUACIÓN TOTAL SUBESCALA IV: /23.

UPDRS TOTAL: /159.

## **ORDEN DE EMPASTADO**