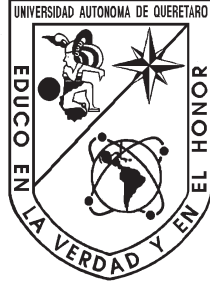


UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE QUERÉTARO



FACULTAD DE INGENIERÍA
MAESTRÍA EN INSTRUMENTACIÓN Y CONTROL AUTOMÁTICO

Clasificación de señales mioeléctricas por medio de algoritmos genéticos y máquinas de soporte de vectores

TESIS

Que como parte de los requisitos para obtener el grado de
Maestro en Ciencias en Instrumentación y Control Automático

Presenta:

MARCOS ROMO AVILÉS

Dirigido por:

M EN C. LUZ MARÍA SÁNCHEZ REYES

Co-Director:

DRA. RITA QUETZIQUEL FUENTES AGUILAR

Querétaro, Qro. a Junio de 2022



Universidad Autónoma de Querétaro

Facultad de Ingeniería

Maestría en Instrumentación y

Control Automático

Clasificación de señales mioeléctricas por medio de algoritmos genéticos y máquinas de soporte de vectores

TESIS

Que como parte de los requisitos para obtener el grado de
Maestro en Ciencias en Instrumentación y Control Automático

Presenta:

Marcos Romo Avilés

Dirigido por:

M en C. Luz María Sánchez Reyes

SINODALES

M en C. Luz María Sánchez Reyes

Presidente

Dra. Rita Quetziquel Fuentes Aguilar

Codirector

Dra. Diana Carolina Toledo Perez

Vocal

Dr. Juvenal Rodríguez Reséndiz

Suplente

Dr. Juan Pablo Amézquita Sánchez

Suplente

Centro Universitario

Querétaro, QRO

México.

Julio 2022

Resumen

El procesamiento de biopotenciales es parte fundamental de la investigación médica, ya que brinda la posibilidad de desarrollar nuevos dispositivos y técnicas para el diagnóstico, tratamiento, cuidado y rehabilitación de los pacientes, en la mayoría de los casos de forma no invasiva. Por lo tanto, la creación de nuevos métodos de análisis para bioseñales ayuda a mejorar la seguridad, la eficiencia y la calidad de los procesos. Las bioseñales deben entenderse como la actividad eléctrica que presentan algunas células, como las células cardíacas, las células nerviosas o las células musculares. Por lo anterior, el estudio de las señales musculares o señales EMG (electromiografía) resulta en una de las fuentes de conocimiento más importantes sobre la función de los tejidos que componen el sistema, brindando información sobre el flujo de datos que atraviesa el sistema nervioso y la consiguiente activación de diferentes músculos. Esta señal puede apoyar en la detección de algunas enfermedades relacionadas con la actividad eléctrica, como distrofia muscular, esclerosis y neuropatías. Además, esta señal se puede implementar en sistemas de control, por ejemplo, en robótica, prótesis o incluso en áreas como la telemedicina e interfaces humano-máquina. Las señales EMG son aleatorias, no estacionarias, no lineales. Por tanto, es necesario encontrar un patrón que englobe la señal en general y no los datos independientes que la componen; por ello, los sistemas de entre ellos se encuentran las máquinas reconocimiento de patrones EMG de última generación suelen contener bloques de preprocesamiento, segmentación, extracción de características, reducción de dimensionalidad, selección de características y clasificación. El siguiente trabajo se centra en la selección de características, el cual es uno de los principales problemas en la clasificación de señales EMG, ya que al reducir el número de predictores necesarios para distinguir entre clases es posible disminuir la complejidad del sistema de clasificación. Debido a esto recientemente se han experimentado con diversos métodos de selección, sin embargo, el espacio de características inicial suele estar limitado lo que no permite comprobar el verdadero potencial de los algoritmos de selección [1]. En este estudio, se aplican algoritmos genéticos para la selección de un espacio de características de entre las veintiséis características más utilizadas del dominio del tiempo.

abstract

The processing of biopotentials is a fundamental part of medical research. It offers the possibility of developing new devices and techniques for the diagnosis, treatment, care, and rehabilitation of patients, in most cases non-invasively. Therefore, the creation of new analysis methods for biosignals helps to improve the safety, efficiency, and quality of the processes. Biosignals must be understood as some cells' electrical activity, such as cardiac cells, nerve cells, or muscle cells. Therefore, the study of muscle signals or EMG signals (electromyography) results in one of the essential sources of knowledge about the function of the tissues that make up the system, providing information about the flow of data that crosses the nervous system the consequent activation of different muscles. This signal can support the detection of some diseases related to electrical activity, such as muscular dystrophy, sclerosis, and neuropathies. Furthermore, this signal can be implemented in control systems, such as robotics, prosthetics, or even in areas such as telemedicine and human-machine interfaces. EMG signals are random, non-stationary, and non-linear. Therefore, it is necessary to find a pattern that encompasses the signal in general and not the independent data that make it up; For this reason, the systems that include the latest generation EMG pattern recognition machines usually contain blocks for preprocessing, segmentation, feature extraction, dimensionality reduction, feature selection, and classification. The following work focuses on selecting features, which is one of the main problems in classifying EMG signals. By reducing the number of predictors needed to distinguish between classes, it is possible to reduce the complexity of the classification system. Due to this, various selection methods have recently been experimented with; however, the space of initial features is usually limited, which does not allow testing the true potential of [1] selection algorithms. In this study, genetic algorithms are applied to select a feature space among the twenty-six most used features in the time domain.

Esta tesis, si bien ha requerido de esfuerzo y mucha dedicación, no hubiese sido posible su finalización sin la ayuda desinteresada de todas y cada una de las personas que me acompañaron a través de este difícil camino. Dedico este trabajo a mi familia, amigos y profesores por haber estado a mi lado todo este tiempo, aportando a mi formación tanto profesional y como ser humano.

Agradecimientos

En estas líneas quiero agradecer a todas las personas que hicieron posible esta investigación y que de alguna manera estuvieron conmigo en los momentos difíciles, alegres, y tristes. Estas palabras son para ustedes.

A mis asesores la Mtra. Luz Maria, Dra. Rita, Dra. Diana y Dr. Juvenal, que mediante sus enseñanzas marcaron mi camino tanto profesional como personal, ya que han creído en mí como una persona de confianza y siempre estuvieron ahí para darme una mano de ayuda.

A mi mamá gracias por todo tu amor, comprensión y apoyo, pero sobre todo gracias por la paciencia que me has tenido. No tengo palabras para agradecerte las incontables veces que me brindaste tu apoyo en todas las decisiones que he tomado a lo largo de mi vida. Gracias por darme la libertad de desenvolverme como ser humano.

A mis abuelitos Lamberto y Clemencia, quienes desde el cielo guían mi camino y que fueron pilares fundamentales en mi vida, con mucho amor y cariño, les dedico todo mi esfuerzo, en reconocimiento a todo el sacrificio puesto para que yo llegue hasta este punto de mi vida.

Agradezco a mis tíos Luz Ma. y Rivelino, los cuales siempre me han dado palabras de aliento, personas a quienes les debo mi confianza y la fortaleza la cual me ha permitido seguir adelante a pesar de las adversidades, así mismo quiero agradecerles toda su paciencia, sus ánimos y atenciones.

A mi hermana Angélica, que de una u otra manera es la razón por la cual he llegado tan lejos en mi vida, a puertas del título profesional tan anhelado.

A mis primos Baruc y Mauricio por ser uno de principales motores para que decidiera y continuara mi camino profesional y académico.

A mi novia Luz, por creer en mí, aun cuando muchos dijeron que sería muy tarde para continuar, así como gracias por su apoyo.

A mis amigos Juan Luis, Óscar y Cristian, a quienes estimo tanto y a quien le debo su apoyo incondicional, por facilitarme los caminos para seguir, sin pedir nada a cambio y sin dudar de mi capacidad.

Finalmente, pero no menos importante, agradezco el apoyo del Fondo de Proyectos Especiales de Rectoría (FOPER) 2021.

Índice general

Resumen	III
abstract	V
Agradecimientos	VII
Contenidos	VIII
Índice de Figuras	XI
Índice de Tablas	XIV
1. Introducción	2
1.1. Justificación	3
1.2. Descripción del problema	3
1.3. Hipótesis	4
1.4. Objetivo general	4
1.5. Objetivos particulares	4
1.6. Antecedentes	5
2. Fundamentación Teórica	8
2.1. Electromiografía	8
2.2. Sistema de adquisición	8
2.3. Electrodo	9
2.4. Preprocesamiento	9
2.5. Amplificación y filtrado	10
2.6. Amplificador de instrumentación	10
2.7. Segmentación	10
2.8. Extracción de características	11
2.8.1. Media del valor absoluto	11
2.8.2. Cruce por cero	11
2.8.3. Longitud de onda	12
2.8.4. Cambios de signo de pendiente	12
2.8.5. Valor cuadrático medio	12
2.8.6. Varianza	12

2.8.7.	Valor de amplitud promedio	13
2.8.8.	Valor medio absoluto modificado tipo 1	13
2.8.9.	Valor medio absoluto modificado tipo 2	13
2.8.10.	Cambio de amplitud promedio	14
2.8.11.	Amplitud de Willson	14
2.8.12.	EMG integrado	14
2.8.13.	Desviación estándar	14
2.8.14.	Diferencia de desviación estándar absoluta	14
2.8.15.	Log-Detector	15
2.8.16.	Tasa de porcentaje de miopulso	15
2.8.17.	Valor absoluto del tercer, cuarto y quinto orden	15
2.8.18.	Pendiente del valor absoluto medio	15
2.8.19.	Integral cuadrada simple	16
2.8.20.	Skewness	16
2.8.21.	Kurtosis	16
2.8.22.	Desviación media absoluta	16
2.8.23.	Entropía espectral	17
2.8.24.	Dimensión fractal Katz	17
2.9.	Selección de características	17
2.9.1.	Algoritmos genéticos	17
2.10.	Clasificación	20
2.10.1.	Máquina de vectores de soporte:	20
2.11.	Análisis de desempeño de un clasificador	21
3.	Metodología	22
3.1.	Diseño y creación del sistema de adquisición	24
3.1.1.	Etapa 1: revisión de la literatura	24
3.1.2.	Etapa 2: diseño del sistema de adquisición y alimentación.	25
3.1.3.	Etapa 3: diseño de los filtros analógicos	26
3.1.4.	Etapa 4 y 5: diseño y manufactura de PCB	26
3.1.5.	Etapa 6: diseño de interfaz gráfica	26
3.1.6.	Etapa 7 y 8: integración de los sistemas y diseño de la carcasa	26
3.1.7.	Etapa 9: comprobación de la calidad de la señal	27
3.1.8.	Etapa 10: bases de datos	27
3.2.	Diseño y programación del algoritmo de clasificación	29
3.2.1.	Etapa 1: revisión de la literatura	29
3.2.2.	Etapa 2: cálculo de características en el dominio del tiempo	29
3.2.3.	Etapa 3: diseño e integración del algoritmo genético y SVM	29
3.2.4.	Etapa 4: validación	31
4.	Resultados y discusión	32
4.1.	Sistema de adquisición	32
4.1.1.	Entrada al amplificador de instrumentación	32
4.1.2.	Filtrado	33
4.1.3.	Ajuste de offset	37
4.1.4.	Diseño y manufactura del sistema de alimentación	39

4.1.5.	Diseño y manufactura de carcasa del sistema de adquisición	40
4.1.6.	interfaz gráfica	43
4.2.	Filtrado	44
4.3.	Segmentación	51
4.4.	Extracción de características	52
4.5.	Selección de características	58
4.5.1.	Selección de características para la base de datos de la extremidad inferior derecha	58
4.5.2.	Selección de características para la base de datos de la extremidad superior derecha	69
5.	Conclusiones	78
5.1.	Impactos	78
5.1.1.	Impacto científico	78
5.1.2.	Impacto tecnológico	78
5.1.3.	Impacto social	78
5.1.4.	Impacto económico	78
5.1.5.	Productos logrados	79
5.2.	Conclusiones	79
5.2.1.	Trabajo a futuro	79
	Referencias	84

Índice de figuras

3.1. Diagrama de flujo para el desarrollo del algoritmo de selección de características. . .	23
3.2. Diagrama de flujo de la para la creación del sistema de adquisición.	24
3.3. Diagrama de flujo para la conexión de los canales de adquisición a la PC.	27
3.4. Diagrama de flujo para la integración de los algoritmos genéticos y SVM.	30
3.5. Diagrama de flujo resumido para la integración de los algoritmos genéticos y SVM. .	31
4.1. Diagrama eléctrico del amplificador de instrumentación para la adquisición diferen-	
cial de las señales EMG.	33
4.2. Diagrama eléctrico del filtro Butterworth pasa bajas de segundo orden topología	
Sallen-Key.	34
4.3. Diagrama de Bode para el filtro Butterworth pasa bajas de segundo orden topología	
Sallen-Key con frecuencia de corte de 633 Hz donde se muestra una atenuación de	
-3 db y -40 db	34
4.4. Diagrama eléctrico del filtro Butterworth pasa altas de segundo orden topología	
Sallen-Key.	35
4.5. Diagrama de Bode para el filtro Butterworth pasa altas de segundo orden topología	
Sallen-Key con frecuencia de corte de 10 Hz donde se muestra una atenuación de -3	
db y -40 db	35
4.6. Diagrama eléctrico del filtro Notch de segundo orden topología Bainter.	36
4.7. Diagrama de Bode para el filtro Notch de segundo orden topología Bainter con	
frecuencia de corte de 60 Hz donde se muestra una atenuación de -28.69 db	36
4.8. Diagrama eléctrico del sistema de adquisición EMG completo.	37
4.9. Diagrama de Bode de la respuesta del sistema de filtrado.	37
4.10. Diagrama eléctrico del sistema de ajuste de offset.	38
4.11. Diseño PCB.	38
4.12. Placa física.	39
4.13. Diseño eléctrico del sistema del alimentación dual de $\pm 5V$	39
4.14. Placa del sistema del alimentación.	40
4.15. Sistema de adquisición integral.	40
4.16. Vista frontal del diseño de la carcasa en <i>solidworks</i>	41
4.17. Vista lateral del diseño de la carcasa en <i>solidworks</i>	41
4.18. Vista frontal del sistema de adquisición EMG.	42
4.19. Vista lateral del sistema de adquisición EMG.	42
4.20. Vista área del primer piso del sistema de adquisición EMG.	43

4.21. Vista área del segundo piso del sistema de adquisición EMG.	43
4.22. interfaz de usuario.	44
4.23. Colocación de los electrodos sobre la extremidad superior derecha.	44
4.24. Señal original, filtrada y envolvente proveniente del canal 1, persona 1, prueba 1 para el movimiento de apoyar punta sin levantar el talón.	45
4.25. Señal original, filtrada y envolvente proveniente del canal 1, persona 1, prueba 1 para el movimiento de apoyar talón sin levantar punta.	46
4.26. Señal original, filtrada y envolvente proveniente del canal 1, persona 1, prueba 1 para el movimiento de levantar punta del pie.	46
4.27. Señal original, filtrada y envolvente proveniente del canal 1, persona 1, prueba 1 para el movimiento de levantar el talón.	47
4.28. Señal original, filtrada y envolvente proveniente del canal 1, persona 1, prueba 1 para el movimiento de mover la punta del pie a la derecha.	47
4.29. Señal original, filtrada y envolvente proveniente del canal 1, persona 1, prueba 1 para el movimiento de mover la punta del pie a la izquierda.	48
4.30. Señal original, filtrada y envolvente proveniente del canal 1, persona 1, prueba 1 para el movimiento de mover la punta del pie a la izquierda.	48
4.31. Señal original, filtrada y envolvente proveniente del canal 1, persona 1, prueba 1 para flexión del brazo.	49
4.32. Señal original, filtrada y envolvente proveniente del canal 2, persona 1, prueba 1 para movimiento de extensión del brazo.	49
4.33. Señal original, filtrada y envolvente proveniente del canal 3, persona 1, prueba 2 para el movimiento de flexión de los dedos.	50
4.34. Señal original, filtrada y envolvente proveniente del canal 4, persona 1, prueba 2 para el movimiento de extensión de los dedos.	50
4.35. Señal original, filtrada y envolvente proveniente del canal 4, persona 1, prueba 1 para el estado de relajación.	51
4.36. Ventanas 40, 41, 42, 43, 44 de la señal del canal 1 de la persona 1 de la repetición 1 de las señales EMG de la pierna derecha.	52
4.37. Gráfica de caja de la característica media del valor absoluto correspondiente a los siete movimientos del canal uno de la persona dos considerando la señal sin segmentar.	53
4.38. Gráfica de caja de la característica media del valor absoluto correspondiente a los siete movimientos del canal uno de la persona dos considerando la ventana 20.	54
4.39. Gráfica de caja de la característica media del valor absoluto correspondiente a los siete movimientos del canal uno de la persona dos considerando la ventana 40.	54
4.40. Gráfica de caja de la característica media del valor absoluto correspondiente a los siete movimientos del canal uno de la persona dos considerando la ventana 64.	55
4.41. Gráfica de caja de la característica media del valor absoluto correspondiente a los siete movimientos del canal uno de la persona ocho considerando la señal sin segmentar.	55
4.42. Gráfica de caja de la característica media del valor absoluto correspondiente a los siete movimientos del canal uno de la persona ocho considerando la ventana 20.	56
4.43. Gráfica de caja de la característica media del valor absoluto correspondiente a los siete movimientos del canal uno de la persona ocho considerando la ventana 40.	56
4.44. Gráfica de caja de la característica media del valor absoluto correspondiente a los siete movimientos del canal uno de la persona ocho considerando la ventana 64.	57

4.45. Gráfico del porcentaje de clasificación en función del número de iteraciones para el kernel gaussiano.	61
4.46. Gráfico del porcentaje de clasificación en función del número de iteraciones para el kernel lineal.	61
4.47. Total de características seleccionadas por cada una de las configuraciones para algoritmos genéticos.	67
4.48. Porcentajes de reducción de características de cada configuración del proceso de selección.	67
4.49. Resultados del porcentaje de error promedio para el entrenamiento y validación del SVM final con un Kernel gaussiano.	68
4.50. Resultados del porcentaje de error promedio para el entrenamiento y validación del SVM final con un Kernel lineal.	68
4.51. Resultados del porcentaje de error promedio para el entrenamiento y validación del SVM final con un Kernel gaussiano.	70
4.52. Resultados del porcentaje de error promedio para el entrenamiento y validación del SVM final con un Kernel lineal.	71
4.53. Gráfico del porcentaje de clasificación en función del número de iteraciones usando kernel gaussiano para la repetición 2.	72
4.54. Gráfico del porcentaje de clasificación en función del número de iteraciones usando kernel gaussiano para la repetición 3.	72

Índice de Tablas

1.	Glosario	1
1.1.	Trabajos relacionados.	5
2.1.	Descripción de los distintos operadores relacionados al proceso de selección [2, 3]. . .	18
2.2.	Descripción de los distintos operadores relacionados con el proceso de cruce [2, 3]. . .	19
2.3.	Descripción de los distintos operadores relacionados con el proceso de mutación [2, 3].	19
3.1.	Origen y acción de los músculos cuyo potencial de acción se utilizará para la clasificación de movimiento.	25
4.1.	Parámetros seleccionados eliminados por el método de ANOVA.	57
4.2.	Parámetros iniciales utilizados para los algoritmos genéticos para los experimentos 1 (kernel gaussiano) y 2 (kernel lineal).	59
4.3.	Parámetros iniciales utilizados para los algoritmos genéticos para los experimentos 3 (kernel gaussiano) y 4 (kernel lineal).	59
4.4.	Parámetros iniciales utilizados para los algoritmos genéticos para los experimentos 5 (kernel gaussiano) y 6 (kernel lineal).	60
4.5.	Parámetros iniciales utilizados para los algoritmos genéticos para los experimentos 7 (kernel gaussiano) y 8 (kernel lineal).	60
4.6.	Características seleccionadas mediante la configuración 1 haciendo uso de kernel gaussiano.	62
4.7.	Características seleccionadas mediante la configuración 3 haciendo uso de kernel gaussiano.	62
4.8.	Características seleccionadas mediante la configuración 5 haciendo uso de kernel gaussiano.	63
4.9.	Características seleccionadas mediante la configuración 7 haciendo uso de kernel gaussiano.	63
4.10.	Características seleccionadas mediante la configuración 2 haciendo uso de kernel lineal.	64
4.11.	Características seleccionadas mediante la configuración 4 haciendo uso de kernel lineal.	64
4.12.	Características seleccionadas mediante la configuración 6 haciendo uso de kernel lineal.	65
4.13.	Características seleccionadas mediante la configuración 8 haciendo uso de kernel lineal.	65
4.14.	Parámetros del funcionamiento del clasificador para la etapa de entrenamiento. . . .	69
4.15.	Parámetros de la funcionamiento del clasificador para la etapa de validación.	69
4.16.	Parámetros iniciales utilizados para los algoritmos genéticos.	70

4.17. Total de características seleccionadas por algoritmos genéticos haciendo uso del kernel gaussiano y lineal.	71
4.18. Características seleccionadas mediante algoritmos genéticos haciendo uso del SVM con kernel gaussiano para repetición 1.	73
4.19. Características seleccionadas mediante algoritmos genéticos haciendo uso del SVM con kernel gaussiano para repetición 2.	73
4.20. Características seleccionadas mediante algoritmos genéticos haciendo uso del SVM con kernel gaussiano para repetición 3.	74
4.21. Parámetros del funcionamiento del clasificador para la etapa de entrenamiento.	74
4.22. Parámetros de la funcionamiento del clasificador para la etapa de validación.	74
4.23. Parámetros del funcionamiento del clasificador para la etapa de validación ciega.	75
4.24. Tiempos de procesamiento para las etapas de selección, entrenamiento y validación de señales completas para la extremidad inferior derecha.	75
4.25. Tiempos de procesamiento para las etapas de selección, entrenamiento y validación de ventanas para la extremidad inferior derecha.	76
4.26. Tiempos de procesamiento para las etapas de selección, entrenamiento y validación de señales completas para la extremidad superior derecha.	76
4.27. Tiempos de procesamiento para las etapas de selección, entrenamiento y validación de ventanas para la extremidad superior derecha.	76

Glosario

Cuadro 1: Glosario

Acrónimo	Definición
EMG	Electromiograma
MES	Señales musculares.
DoF	Grados de libertad
ZC	Cruces por cero
DWT	Transformada de Wavelet discreta
SSC	Cambio de signo de pendiente
WL	Longitud de onda
MAV	Valor absoluto medio
RMS	Raíz cuadrada media
VAR	Varianza
STD	Desviación estándar
MNF	Frecuencia media
PKF	Frecuencia máxima media
MNP	Potencia media
FR	Relación de frecuencia
AR	Coefficientes autor regresivos
SE	Entropía muestral
DLPP	Proyecciones de preservación de localidades discriminantes
GNB	Algoritmos Naive Bayes
PSO	Enjambre de partículas
SVM	Máquinas de vectores de soporte
ISVM	Máquina de vectores de soporte mejorada
CNN	Red neuronal convolucional
FL	Lógica difusa
SPCA	Análisis disperso de componentes principales
LDA	Análisis discriminante lineal
OLDA	Análisis discriminante lineal ortogonal
KNN	K vecinos más próximos
ANN	Redes neuronales artificiales
MLP	Perceptrón multicapa
SBC	Ordenadores de placa simple
PCB	Placa de circuito impreso

Introducción

El procesamiento de señales mioeléctricas ha sido empleado para el control de dispositivos debido a que el uso de las señales musculares del usuario ofrece un control de movimiento más natural, además de que los dispositivos se vuelven más sencillos y confortables de usar y con un mayor grado de libertad [4].

Sin embargo, la caracterización de las señales EMG representa un gran desafío, ya que se encuentran inversas en una gran cantidad de ruido, lo que dificulta su clasificación sin un tratamiento previo [5]. Esta complejidad se debe a que los potenciales eléctricos musculares son señales ruidosas con propiedades no estacionarias y de muy baja amplitud, las cuales normalmente son leídas superficialmente, por lo que las capas de piel y grasa también dificultan su lectura [6, 7].

Debido a esto, los sistemas EMG de reconocimiento de patrones a menudo contienen bloques de datos de preprocesamiento, segmentación, extracción de características, selección de características, clasificación y control [8]. En la extracción de características se calculan los parámetros significativos ocultos en el flujo de datos. Mediante técnicas de selección de características, se intentará seleccionar la mejor combinación para formar una matriz de parámetros de clasificación[6]. Finalmente, en la sección de clasificación, se pueden utilizar varios algoritmos; entre ellos se encuentran: redes neuronales, árboles de decisiones, análisis discriminante lineal, las máquinas de vectores de soporte (SVM), entre otras [6].

Una vez concluida la etapa de caracterización y clasificación, los resultados obtenidos se pueden utilizar para seleccionar el movimiento y ejecutar las acciones de un actuador. Es necesario crear sistemas los cuales sean intuitivos de usar, eficientes y con una buena relación costo-calidad ya que los sistemas de control mioeléctrico ofrecen una alternativa manipulación de dispositivos.

Este trabajo se centra en la implementación de algoritmos genéticos y máquinas de vectores de soporte para la clasificación de señales musculares, así como en el desarrollo del sistema de adquisición. El documento está organizado de la siguiente manera:

En esta primera sección de Introducción, se describirán la justificación, descripción del problema, así como la hipótesis, objetivos de la investigación, alcances y antecedentes del trabajo. En la sección de fundamentación teórica se definen los conceptos básicos necesarios para comprender la implementación propuesta. En el apartado: Metodología, se presentan los pasos a seguir para el desarrollo del algoritmo propuesto. En la sección de resultados, se muestran los hallazgos encontrados. Finalmente, en la sección Conclusión e impactos, se presentan las áreas de alcance y la importancia de este proyecto de investigación.

1.1. Justificación

Resulta de vital importancia definir qué factores son útiles en el conjunto de datos en diversas aplicaciones de clasificación. En consecuencia, generalmente se introduce una gran cantidad de atributos inútiles en el conjunto de datos, lo que confunde el proceso de clasificación y aumenta significativamente el tiempo de cálculo. Debido a la existencia de una gran cantidad de características irrelevantes y redundantes en el conjunto de datos, una fase de preprocesamiento como la selección de características añadida para eliminar las características ruidosas se convierte en una tarea necesaria y desafiante. Encontrar un conjunto de características que ofrezca el mayor porcentaje de clasificación y robustez al sistema es un tema crucial. Las ventajas que se obtienen debido a la selección de características es la reducción directa del tamaño del subconjunto de características, aceleración del tiempo de entrenamiento y simplificación de los clasificadores aprendidos para mejorar la precisión del rendimiento de la clasificación [9].

Los métodos de selección se clasifican como métodos de envoltura, lo que incluye los algoritmos metaheurísticos y métodos de filtro. El método de filtro, como el PCA, intenta seleccionar el subconjunto de características en función de los datos mismos mediante el algoritmo de filtro. Por otro lado, el método de envoltura evalúa el subconjunto de características seleccionado por el clasificador correspondiente durante el proceso de búsqueda. El método de selección de características del filtro generalmente funciona más rápido que el de envoltura porque la técnica de medición del método del filtro es computacionalmente más económica que medir la precisión de clasificación del método del contenedor. Sin embargo, el método de envoltura ha sido ampliamente estudiado y preocupado en el campo de selección de características, ya que era más beneficioso para encontrar subconjuntos de características adecuados que el método de filtro [10, 11].

Por lo tanto, los problemas que no se pueden resolver de manera óptima mediante un método preciso dentro de un período de tiempo razonable se pueden definir como problemas de optimización difíciles. Los algoritmos metaheurísticos se pueden utilizar para encontrar soluciones adecuadas para resolver estos problemas. En caso de que falten técnicas conocidas para resolver problemas específicos, generalmente se aplican metaheurísticas para resolver estos problemas. Se utilizan ampliamente para brindar soluciones satisfactorias a gran velocidad al tratar con espacios y áreas complejas en la industria, redes neuronales, dominio de imágenes, clasificación de señales, etc. La mayoría de los algoritmos metaheurísticos están inspirados en la naturaleza y su objetivo es encontrar un mínimo global o casi global durante la búsqueda iterativa. Los solucionadores metaheurísticos se perciben como métodos más representativos que los estudios que se centraron en métodos estocásticos que buscan el espacio de búsqueda en el peor de los casos. Esto promueve y anima a los académicos a emplear algoritmos metaheurísticos para resolver el conjunto de problemas en diferentes campos, como en lo de la clasificación de señales EMG [12, 13].

Algunos de los algoritmos metaheurísticos más populares son el algoritmo genético, estos algoritmos han atraído a los investigadores para resolver problemas complejos de optimización, clasificación y predicción.

1.2. Descripción del problema

En los últimos años, una de las aplicaciones más populares para la clasificación de señales mioeléctricas ha sido el control mioeléctrico, esto se lleva a cabo registrando un conjunto de musculares en un rango de frecuencias específico para posteriormente clasificarlas [14].

Aún queda camino por recorrer cuando se habla de las estrategias de la clasificación mioeléctrica necesarias para la detección de múltiples grados de libertad o por sus siglas en inglés (*DoF*) [15]. La clasificación exitosa basada en el reconocimiento de patrones radica en las características extraídas y el clasificador utilizado [6]. Es importante seleccionar de manera cuidadosa los parámetros de las señales a analizar para poder realizar una clasificación correcta, las características de las señales se pueden analizar en el dominio del tiempo o frecuencia [6]. Otra parte esencial en la clasificación mioeléctrica son los métodos de aprendizaje automático capaces de interpretar la intención de movimiento del usuario a partir de las MES [16]. Por último, un problema a considerar es la adquisición de las señales, ya que dicha adquisición no es un procedimiento sencillo debido a que las señales musculares tienen un alto contenido de ruido, puesto que no se extraen directamente de los músculos, además de que los movimientos hechos por los usuarios no son idénticos entre sí.[16].

Para que las señales EMG puedan ser utilizadas en la aplicación antes mencionadas es necesario llevar a cabo un procesamiento, debido a que las señales adquiridas son muy complejas, aleatorias, no estacionarias y no lineales. Por lo tanto, es necesario encontrar algunos patrones que engloben la señal en general y no los datos independientes que la conforman. Es necesario continuar investigando y trabajando en mejorar los sistemas de reconocimiento de patrones mediante el desarrollo de metodologías de preprocesamiento, segmentación, extracción de características, clasificación y control de datos. Debido a esto, en este trabajo se propone una metodología basada en algoritmos genéticos para la selección de características con el objetivo de encontrar el espacio de parámetro que ofrezca mayor porcentaje de clasificación en segmentos de señales de 250 *ms*. Para la clasificación se usará máquina de vectores de soporte, ya que este permite encontrar el hiperplano óptimo de separación de los conjuntos, convirtiéndolo en uno de los sistemas de clasificación más robustos.

1.3. Hipótesis

Mediante una metodología basada en algoritmos genéticos para la selección de características y SVM aplicada a la clasificación de señales mioeléctricas, será posible reducir el número de características para el entrenamiento del clasificador con un error promedio igual o menor al 10%.

1.4. Objetivo general

Desarrollar una metodología para la clasificación de señales EMG provenientes de la extremidad superior derecha con base en algoritmos genéticos para la selección de características y SVM como clasificador.

1.5. Objetivos particulares

1. Desarrollar un sistema de adquisición EMG de 4 canales implementando filtros analógicos y sistemas de eliminación de offset mediante amplificadores operaciones.
2. Obtener una base de datos mediante una configuración bipolar de las señales musculares producidas por los movimientos de la extremidad superior derecha al extender el brazo, flexionar el brazo, abrir la mano, cerrar la mano y el estado de reposo.

3. Obtener las características en el dominio del tiempo, haciendo uso del software MATLAB para analizar las señales EMG adquiridas para estimar patrones capaces de distinguir entre los diferentes movimientos.
4. Obtener los algoritmos de SVM para la clasificación de las señales EMG.
5. Obtener los algoritmos genéticos para la selección de características en el dominio del tiempo.
6. Probar la eficiencia del algoritmo de selección de características desarrollado para señales EMG.

1.6. Antecedentes

La clasificación de señales de EMG es una opción importante para la manipulación de dispositivos, ya que ofrece autonomía de control al contraer los músculos. La naturalidad y eficiencia con la que se puede manipular un actuador depende de la calidad del procesamiento y clasificación de las MES, especialmente cuando se controlan múltiples grados de libertad. Por lo que recientemente se han llevado a cabo trabajos con el objetivo de mejorar el reconocimiento de patrones para discriminar entre múltiples grados de libertad, sin embargo, aún se tienen varios problemas que resolver. A continuación, se muestra un panorama general de los trabajos relacionados en el área de procesamiento de señales de EMG.

Cuadro 1.1: Trabajos relacionados.

Ref.	Aplicación	Método	Eficiencia
[17]	Investigación del efecto de la variación de fuerza en reconocimiento de patrones en EMG.	Se usó la estrategia de clasificación paralela basada en amplitudes de señal para contrarrestar el error de clasificación de movimientos debido a la variación de fuerza.	92.12 %
[18]	Descripción para cruces por cero, con o sin umbral para la clasificación de MES.	Se clasificaron MES utilizando SVM y ZC.	94.8 %
[19]	Clasificación de 6 movimientos de la mano.	Se utilizó SPCA y otras técnicas de selección de características, OLDA, DLPP, LDB y se utilizaron clasificadores como SVM, LDA, MLP y KNN.	LDB >98 % SPCA >98 % OLDA >85 % DLPP >90 %

[20]	Diferenciación de seis clases de movimientos de muñeca y mano en tres niveles de contracción muscular con tres orientaciones del antebrazo.	Se aplicó la DWT con 5 niveles de descomposición ocupando la ondoleta madre Symmlet, se obtuvo RMS, WL, ZC, SSC, MAV, TDAR1 (una combinación de la característica RMS y AR de quinto orden) y TDAR2 (una combinación de SE, WL, coeficientes cepstrum de cuarto orden y coeficientes AR de quinto orden) de cada nivel de descomposición. Para la clasificación se ocupó SVM.	96.6 %
[21]	Identificación de seis categorías de movimientos del brazo humano.	Se dividieron los movimientos estudiados en tres clases de acuerdo con los ejes de rotación del brazo para su clasificación. Este proceso se dividió en dos etapas. En la primera etapa, se usó el SVM como clasificador, en la segunda etapa se reutilizaron las características para clasificar el movimiento final con el SVM.	94 %
[22]	Reconocimiento de 8 tipos comunes de expresiones faciales de 2 tipos de clases.	Se ocuparon 3 clasificadores: SVM cúbico, KNN cúbica y SVM Gaussiano, con 8 características en el dominio del tiempo y 4 características en el dominio de la frecuencia (estimador de MNP, VAR, MAV, mediana, energía, RMS, longitud de onda, frecuencia media, MNF y MFMD).	SVM cúbico = 99.52 %, KNN cúbica = 97.98 % SVM Gaussiano = 94.94 %
[23]	Control de una mano de exoesqueleto en tiempo real de 6 grados de libertad.	Se ocuparon dos clasificadores: GNB y SVM, las características usadas para la clasificación fueron: valor absoluto medio promedio, amplitud de la raíz cuadrada media, coeficientes autorregresivos de cuarto orden y se calculó la longitud de onda. Se activaban los algoritmos de clasificación mediante el uso de su nivel de fuerza.	GNB=73.6 % SVM= 77.6 %
[24]	Resolución del problema de la baja precisión de reconocimiento de la prótesis mioeléctrica de tres grados de libertad y el tiempo de entrenamiento prolongado.	La transformada wavelet packet es utilizada para descomponer la señal EMG en 8 niveles, la energía y la varianza de cuatro canales se extraen como vectores de características. Luego, PSO se combinó con ISVM para construir un nuevo modelo PSO-ISVM.	90.66 %

[25]	Clasificador auto-recalibrante que puede actualizarse automáticamente para mantener un rendimiento estable en el tiempo sin necesidad de reentrenamiento del usuario.	El clasificador se basó en CNN que utilizó espectrogramas EMG de dimensión reducida de latencia corta como entradas.	-
[26]	Clasificación de ocho movimientos de la muñeca y sus combinaciones simultánea.	Se investigaron dos enfoques de regresión basados en CNN y SVM. El modelo basado en CNN se aplicó sobre datos EMG sin procesar y se entrenó con un método de SGDM. Para el modelo SVM fue necesario la extracción previa de características, las cuales comprenden el conocido conjunto TD y la frecuencia media.	-
[27]	Propuesta de 3 nuevas características en el dominio del tiempo para mejorar la clasificación de MES.	Las nuevas características fueron: el valor absoluto de la suma de la raíz cuadrada, el valor medio de la raíz cuadrada, el valor absoluto de la suma de la exp^{th} , sumado a esto se adquirió el vector TD. Se usó el análisis discriminante lineal y una red neuronal artificial como clasificadores.	-
[28]	Se propone un método basado en la señal sEMG y los datos de la unidad de medida inercial para reconocer las actividades diarias de las extremidades inferiores.	Se aplica un método de selección de funciones basado en la relevancia máxima y la relevancia máxima de redundancia mínima y SVM para 11 características: AR, MAV, RMS, IEMG, VAR, SSI, WL, WAMP, MNF, MDF y EN .	97.2 %

Fundamentación Teórica

En esta tesis se propone el desarrollo de una metodología con base en SVM y algoritmos genéticos, para la clasificación de señales mioeléctricas. En esta subsección se presentan las herramientas teóricas necesarias para entender de manera clara todo lo que involucran las señales EMG y los métodos de selección de características, así como la matemática básica que involucra SVM.

2.1. Electromiografía

Los músculos del cuerpo humano se dividen en tres categorías: los músculos esqueléticos, cardíacos y lisos, La categoría más grande consiste en los músculos esqueléticos, dichos músculos generan fuerza y movimiento. Su unidad estructural es la fibra muscular [29, 30]. Cuando una persona mueve alguna parte del cuerpo, la corteza motora, sistema nervioso somático, produce una señal. Dicha señal llega al músculo esquelético a través de las neuronas motoras, lo que genera el proceso de contracción muscular [5, 29, 31], el grado de contracción está controlado por la frecuencia de los impulsos nerviosos.

La contracción del músculo es impulsada por un proceso electroquímico, este proceso es llevado a cabo por los canales de sodio y potasio que se abren en respuesta al estímulo, lo que inicia la respuesta de las membranas en las fibras nerviosas y musculares. Las acciones de polarización y despolarización en la apertura de los canales de sodio y potasio dan lugar a lo que se denomina potencial de acción de la unidad motora produciendo la señal mioeléctrica [29]. El proceso por el cual se registra la actividad, ya sea voluntario o involuntaria, se denomina EMG. La amplitud de la señal adquirida es de alrededor de $5 \mu V$ y el período de tiempo varía entre 10 y 20 ms [32]. Otra característica importante de las señales maculares es que son no estacionarias, no lineales y aparentemente aleatorias, es decir, que no existe una relación obvia entre actividad muscular y el patrón EMG. [33]. A continuación, se describen los elementos que conforman el sistema de adquisición de las señales EMG.

2.2. Sistema de adquisición

Cuando se desea llevar un control mioeléctrico por lo general se busca trabajar con más de un canal, debido a que un movimiento no es generado por un solo músculos. Por lo tanto, dependiendo

de la problemática a resolver, se usarán más o menos canales, sin embargo, es común trabajar con cuatro, seis u ocho canales para la adquisición de la señal [34].

Una vez seleccionada el número de canales a utilizar es necesario conocer cuál será la derivación de los electrodos utilizada, entre las más usadas se encuentra la derivación bipolar, monopolar y laplaciana. Cuando la señal EMG de un canal es la diferencia de voltaje entre un par de electrodos se habla de una derivación bipolar [35], por otro lado, cuando se mide la diferencia entre el electrodo de adquisición (activo) y el electrodo de referencia se tiene un canal monopolar [36]. Finalmente, la configuración laplaciana utiliza típicamente un electrodo de superficie central y un número de electrodos circundantes, y también se ha mostrado recientemente prometedora en interfaces sEMG [34].

Seleccionar cuidadosamente el número de canales y su disposición, además de los materiales para construir el sistema de adquisición, es una parte fundamental en el control mioeléctrico, ya que para lograr una alta precisión de clasificación es necesario garantizar una alta calidad en la señal EMG, por lo que es muy importante diseñar correctamente el sistema de adquisición. La adquisición de datos se compone de conversión de analógico a digital, amplificación y acondicionamiento de señal. La señal EMG se registra colocando los electrodos o sensores en la superficie de la piel. Los electrodos también proporcionan una interfaz entre el dispositivo de registro eléctrico y el sistema biológico. La señal generalmente se amplifica, filtra y convierte en una señal digital [5, 29].

A continuación, se describen los tipos de electrodos implementados EMG así como algunas de las consideraciones necesarias para la adquisición.

2.3. Electrodos

Los materiales más comunes para la fabricación de electrodos es la aleación de plata-cloruro de plata o chapados en oro, sin embargo, también pueden utilizarse electrodos de acero inoxidable que son de menor de bajo costo, pero ofrecen una señal de menor calidad [18].

Una vez seleccionado el material de los electrodos a utilizar, debe considerarse si estos serán gelificados o secos. La principal diferencia entre ambos tipos es que los electrodos secos requieren una etapa de pre-amplificación cercana al sitio de colocación del electrodo debido a la alta impedancia de la piel, por otro lado, el gel electrolítico en los electrodos gelificados disminuye la resistencia impedancia de entrada de la señal [37].

Es muy importante mencionar que para la selección adecuada del sensor o electrodo se deben tomar en cuenta tres principales consideraciones [34]: [37].

- Tamaño del electrodo: el cual debe tener 10 *mm* de diámetro como máximo.
- Distancia entre electrodos: esta debe ser mínimo de 10*mm* y máximo de 20 *mm* dependiendo la longitud del músculo.
- Colocación del electrodo: los puntos donde se debe evitar colocar un electrodo son cerca del tendón del músculo, en el punto motor y en los bordes externos del músculo.

2.4. Preprocesamiento

El preprocesamiento de señales nos permite filtra, amplificar y segmentar la señal con la finalidad de calcular patrones o características que nos permitan caracterizar y clasificar las señales para

discernir entre los diversos movimientos estudiados [38].

2.5. Amplificación y filtrado

Debido a que la señal EMG promedio se encuentra por debajo de 10 mV es necesario amplificar de 100 a 500 veces mediante amplificadores de instrumentación con la finalidad de poder registrarla mediante un convertidor analógico digital. Como se ha mencionado a lo largo de este trabajo, las señales EMG suelen estar acompañadas de ruido debido a perturbaciones ambientales como lo pueden ser la frecuencia de 60 Hz proveniente de la alimentación del equipo de adquisición, factores presentes durante los experimentos como el movimiento de los cables y ruido generado por los tejidos de la piel, por lo que es necesaria una etapa de filtrado; esta puede ser analógica por medio de amplificadores operacionales o digital. La parte de información más relevante de las señales EMG se encuentra principalmente en el rango de frecuencia de 10 Hz a 500 Hz , ya que en las altas frecuencias (500 Hz a 1000 Hz) se encuentra principalmente el ruido generado en las capas de la piel. Por otro lado, la región de baja frecuencia, que va de 1 Hz a 10 Hz , se considera ruido causado por el movimiento del cable y la interfaz del electrodo de medición y la piel, por lo anterior el ancho de banda más usado va de 10 Hz a 500 Hz [39, 40, 29]. Otro aspecto a considerar durante el procesamiento de una señal EMG es la frecuencia de muestreo porque una frecuencia demasiado alta podría producir una mayor cantidad de ruido y con una frecuencia demasiado baja (menor a la frecuencia de Nyquist) se perdería información relevante que podría describir a la señal. La frecuencia de muestreo mayormente utilizada es 1 kHz [6, 41].

2.6. Amplificador de instrumentación

El objetivo del circuito EMG es extraer una señal EMG limpia de un fondo ruidoso. La fuente de ruido incluye la interferencia de la línea eléctrica, la desviación de la línea de base y el artefacto de movimiento, la saturación del amplificador, el contacto deficiente de los electrodos y la interferencia fisiológica, etc. Entre los cuales, el ruido de la línea eléctrica es la principal fuente de contaminación. Para reducir el ruido por las fuentes externas, se hace uso de un amplificador de instrumentación. Este tipo de dispositivo tiene muchas características deseables en aplicaciones médicas, por ejemplo, su alto factor de rechazo al modo común o CMRR por sus siglas en inglés, alta impedancia de entrada, alta ganancia, ancho de banda óptimo, etc. Permite amplificar la diferencia entre dos señales flotantes y proporciona una salida de un solo extremo referida a la tierra del sistema.

El amplificador de instrumentación seleccionado fue el INA118U. Este amplificador de instrumentación se usa comúnmente en amplificadores de biopotencial, cumple con todos los requisitos antes mencionados y exhibe una impedancia de entrada de $60\text{ M}\Omega \parallel 2\text{ pF}$. El INA118U se usó con una ganancia de 1000 lograda con una resistencia de ganancia de $50\text{ }\Omega$ como se muestra en la Figura 4.1.

2.7. Segmentación

Una vez amplificada, filtrada y adquirida la señal, es necesario segmentarla para reducir el gasto computacional en la clasificación y poder realizar dicha clasificación en "tiempo real". Un segmento o ventana es un intervalo de datos en un tiempo determinado, el cual se utiliza para estimar las características de la señal. Un aspecto a tomar en cuenta es la duración de la ventana,

pues una ventana menor de 200 *ms* conduce a sesgos y cambios en la estimación de características. Por otro lado, una ventana mayor a 300 *ms* se traduce en una alta carga computacional. Por lo anterior, es correcto aseverar que las restricciones en tiempo real imponen el tiempo máximo de un sesgo, hablando del procesamiento de señales mioeléctricas existe un tiempo de espera de aproximadamente 300 *ms* entre el inicio de la contracción muscular realizada y un movimiento correspondiente en un dispositivo.

Cabe señalar que el intervalo mínimo entre dos contracciones distintas es de aproximadamente 200 *ms* [30]. En otras palabras, un segmento de datos de una señal EMG con una longitud aproximada de 200 *ms* contiene suficiente información para calcular las características necesarias para su clasificación. De este modo, una longitud de segmento igual a 250 *ms* permite el cálculo de características y clasificación [42].

2.8. Extracción de características

Una vez finalizado el preprocesamiento de la señal EMG, es necesario caracterizarla porque los valores individuales que la componen no tienen ningún significado práctico para su clasificación [6], por lo anterior es necesario extraer características del conjunto de datos. Existen diversos dominios, los más comunes son el dominio del tiempo y el dominio de la frecuencia. Las características del dominio en el tiempo se basan en el método estadístico, entre las características con un mayor uso se encuentra: MAV, SSC, WL, ZC, RMS y VAR. Todas estas características se combinan para representar el espacio de características TD [39, 40, 6].

Por otro lado, las características en el dominio de la frecuencia son: MNF, MDF, PKF, MNP y FR [5]. Es de suma importancia seleccionar cuidadosamente los parámetros adecuados para formar el vector de características, ya que este es el punto de partida desde el que se realiza la clasificación [43].

A continuación, se describen cada uno de los indicadores antes mencionados.

2.8.1. Media del valor absoluto

Se llama valor medio de una señal a la media aritmética de todos los valores instantáneos de la señal medidos en un cierto intervalo de tiempo [44], matemáticamente es descrito por:

$$MVA = \frac{\sum_{i=1}^n |x_i|}{n}, \quad (2.1)$$

donde x_i es el valor de la muestra y n es el número de elementos del vector.

2.8.2. Cruce por cero

Establece el número de ocasiones en que la señal cruza por el valor cero, ya sea que la señal pase de positivo a negativo o viceversa [44]. Para reducir los efectos del ruido, se podría incluir un límite inferior para la diferencia absoluta como umbral L .

$$ZC = \sum_{i=1}^{n-1} f(x), \quad (2.2)$$

donde:

$$f(x) = \begin{cases} 1 & \text{si } x_i x_{i+1} < 0 \text{ y } |x_i - x_{i+1}| \geq L, \\ 0 & \text{cualquier otro caso.} \end{cases} \quad (2.3)$$

2.8.3. Longitud de onda

Es la valoración acumulada de una señal, indica el grado de variación de la misma, con un total de N elementos [44]:

$$WL = \sum_{i=1}^n |x_i - x_{i-1}|. \quad (2.4)$$

2.8.4. Cambios de signo de pendiente

Cuenta el número de veces que la pendiente de la señal cambia de signo [44].

$$SSC = \sum_{i=1}^n f(x), \quad (2.5)$$

donde:

$$f(x) = \begin{cases} 1 & \text{si } x_i < x_{i+1} \text{ y } x_i < x_{i-1}, \\ 1 & \text{si } x_i > x_{i+1} \text{ y } x_i > x_{i-1}, \\ 0 & \text{cualquier otro caso.} \end{cases} \quad (2.6)$$

2.8.5. Valor cuadrático medio

El valor cuadrático medio se calcula como un proceso aleatorio gaussiano con amplitud modulada, que se relaciona con una fuerza constante y una contracción sin fatiga; es muy similar al cálculo de la desviación estándar porque viene dada por [44]:

$$RMS = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N x_i^2}. \quad (2.7)$$

2.8.6. Varianza

Se define como la media de los valores al cuadrado de la desviación de la media de la variable; se puede expresar como [45]:

$$VAR = \frac{1}{N-1} \sum_{i=1}^N x_i^2. \quad (2.8)$$

2.8.7. Valor de amplitud promedio

Es característica hace referencia a la amplitud de voltaje promedio de una señal EMG finita, la principal desventaja que presenta es que la amplitud de la señal se puede ver comprometida por el ruido.

$$AAV = \frac{1}{N} \sum_{k=1}^N x_k. \quad (2.9)$$

Donde x_k es el k-ésimo valor de voltaje que compone la señal y N en el número de elementos que la componen.

2.8.8. Valor medio absoluto modificado tipo 1

En esta generalización de la media del valor absoluto, se hace uso de una función de ventana ponderada w_k que permite robustecerla frente a distorsiones debido al ruido.

$$MMAV1 = \frac{1}{N} \sum_{k=1}^N w_k |x_k|, \quad (2.10)$$

donde x_k es el k-ésimo valor de voltaje que compone la seña, N en el número de elementos que la componen y w_k se define como:

$$w_k = \begin{cases} 1 & 0,25N \leq k \leq 0,75N, \\ 0 & \text{de lo contrario.} \end{cases} \quad (2.11)$$

2.8.9. Valor medio absoluto modificado tipo 2

A diferencia del valor medio absoluto modificado tipo 1, el tipo 2 contiene una función de ventana continua.

$$MMAV2 = \frac{1}{N} \sum_{k=1}^N w_k |x_k|, \quad (2.12)$$

donde x_k es el k-ésimo valor de voltaje que compone la seña, N en el número de elementos que la componen y w_k se define como:

$$w_k = \begin{cases} 1 & 0,25N \leq k \leq 0,75N, \\ \frac{4k}{N} & k < 0,25N, \\ \frac{4(N-k)}{N} & \text{de lo contrario.} \end{cases} \quad (2.13)$$

2.8.10. Cambio de amplitud promedio

El cambio de amplitud promedio es el valor medio de la diferencia absoluta entre dos muestras consecutivas, es decir:

$$AAC = \frac{1}{N} \sum_{k=1}^N |x_{k+1} - x_k|. \quad (2.14)$$

2.8.11. Amplitud de Willson

La amplitud de Willson se define como el número de veces que el valor de la diferencia absoluta entre dos muestras consecutivas excede un límite inferior preestablecido L . Este indicador se relaciona con el disparo de los potenciales de acción de la unidad motora y la fuerza de contracción muscular. se define como:

$$WAMP = \frac{1}{N} \sum_{k=1}^{N-1} f(|x_{k+1} - x_k|), \quad (2.15)$$

$$f(x) = \begin{cases} 1 & \text{si } x > L, \\ 0 & \text{de lo contrario.} \end{cases} \quad (2.16)$$

En este estudio se considera un umbral L de 0.05 V.

2.8.12. EMG integrado

Esta característica está relacionada con el punto de activación de la secuencia de la señal EMG. Se define como la suma de los valores absolutos de cada muestra de EMG y se puede expresar:

$$IEMG = \sum_{k=1}^N |x_k|. \quad (2.17)$$

2.8.13. Desviación estándar

La desviación estándar se define como la raíz cuadrada de la varianza, es decir:

$$STD = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (x_i - \bar{x})^2}. \quad (2.18)$$

2.8.14. Diferencia de desviación estándar absoluta

Esta características es similar a RMS ya que es la desviación estándar de la longitud de onda, se define como:

$$DASDV = \sqrt{\frac{1}{N-1} \sum_{i=1}^{N-1} (x_{i+1} - x_i)^2}. \quad (2.19)$$

2.8.15. Log-Detector

Esta función proporciona una estimación de la fuerza de la contracción muscular se puede calcular como:

$$LOG = exp\left(\frac{1}{N} \sum_{k=1}^N \log(|x_k|)\right). \quad (2.20)$$

2.8.16. Tasa de porcentaje de miopulso

El resultado de este indicador es un valor promediado de salida de miopulso, que se define como 1 cuando el valor absoluto de la señal EMG supera un límite inferior determinado L . Matemáticamente, se calcula por:

$$MYOP = \frac{1}{N} \sum_{k=1}^N \phi(x_k), \quad (2.21)$$

donde $\phi(x_k)$ se define como:

$$\phi(x) = \begin{cases} 1 & \text{si } x > L, \\ 0 & \text{de lo contrario.} \end{cases} \quad (2.22)$$

En este trabajo se definió L como 0.016.

2.8.17. Valor absoluto del tercer, cuarto y quinto orden

El momento temporal es un análisis estadístico propuesto por Saridis y Gootee. El primer y segundo momento temporal son los valores absolutos de AAV y VAR, y los siguientes tres se definen como:

$$TM3 = \left| \frac{1}{N} \sum_{k=1}^N x_k^3 \right|, \quad (2.23)$$

$$TM4 = \left| \frac{1}{N} \sum_{k=1}^N x_k^4 \right|, \quad (2.24)$$

$$TM5 = \left| \frac{1}{N} \sum_{k=1}^N x_k^5 \right|. \quad (2.25)$$

2.8.18. Pendiente del valor absoluto medio

Esta característica calcula las diferencias entre los segmentos MAV adyacentes.

$$MAVSLP_i = MAV_{i+1} - MAV_i, \quad (2.26)$$

donde $i = 1, \dots, I$ es el número de segmentos que cubren la señal EMG.

2.8.19. Integral cuadrada simple

Esta característica corresponde a la energía de la señal, es decir, es la suma de los valores al cuadrado de la amplitud de la señal EMG, se puede expresar como:

$$SSI = \sum_{k=1}^N x_k^2. \quad (2.27)$$

2.8.20. Skewness

El skewness u oblicuidad es una característica cuantitativa frecuentemente usada en estadística descriptiva, la cual provee información sobre la forma de la distribución en un conjunto de datos. En otras palabras, la oblicuidad es una medida de la simetría en una distribución de datos: por lo tanto, si la oblicuidad es cercana o igual a 0 se dice que la distribución altamente simétrica.

El skewness u oblicuidad se define de la siguiente forma:

$$a_3 = \sum_{k=1}^N \frac{(x_k - \bar{x})^3}{Ns^3}, \quad (2.28)$$

donde N es el tamaño del conjunto de datos, x_k es el k -ésimo valor de la señal, \bar{x} es la media de los datos y s es la desviación estándar del conjunto de datos.

2.8.21. Kurtosis

La Kurtosis se caracteriza por medir la importancia o el peso que tiene cada uno de los extremos en la distribución de un conjunto de datos. Por lo que la Kurtosis se puede interpretar como los tamaños combinados de los dos extremos, midiendo la cantidad de probabilidad. La Kurtosis se define matemáticamente de la siguiente forma:

$$a_4 = \sum_{k=1}^N \frac{(x_k - \bar{x})^4}{Ns^4}, \quad (2.29)$$

donde N es el tamaño del conjunto de datos, x_k es el k -ésimo valor de la señal, \bar{x} es la media de los datos y s es la desviación estándar del conjunto de datos.

2.8.22. Desviación media absoluta

La desviación media absoluta de un conjunto de datos es el promedio de las desviaciones absolutas de un punto central. En otras palabras, la desviación media absoluta permite evaluar qué tanto se dispersan los datos respecto a la media de una señal. La cual es estimada de la siguiente forma:

$$MAD = \frac{1}{N} \sum_{k=1}^N |x_k - m|, \quad (2.30)$$

donde m representa la media del conjunto de datos x_k o de la señal de tamaño N .

2.8.23. Entropía espectral

La entropía espectral de una señal hace referencia a su distribución de potencia espectral. Esta característica se basa en la entropía de Shannon.

2.8.24. Dimensión fractal Katz

La dimensión fractal de Katz se describe como la relación de la longitud total de la curva en comparación con la línea recta correspondiente a la distancia Euclidiana máxima entre dos puntos.

$$FD = \frac{\log_{10}(N)}{-\log_{10}\left(\frac{m}{L}\right) + \log_{10}(N)}, \quad (2.31)$$

donde L es la longitud total de la curva o la suma de las distancias euclidianas entre puntos sucesivos y m es el diámetro de la curva, N es el número de pasos en la curva

2.9. Selección de características

La selección de características es un método para seleccionar un subconjunto de parámetros con la finalidad de trabajar con un espacio menor y más eficiente que el espacio original. La selección de características ha demostrado tener la capacidad para eliminar indicadores irrelevantes y redundantes [46]. Los algoritmos para la selección de características se dividen en dos, el primero de ellos son los modelos de filtro. El modelo de filtro se basa en las características generales de los datos de entrenamiento para seleccionar algunas características sin involucrar ningún algoritmo de aprendizaje, tiene menos tiempo de cálculo, pero la precisión suele ser menor en la clasificación.

Por otro lado, tenemos los modelos de envoltura, los cuales necesitan un algoritmo de aprendizaje, el cual utilizan para evaluar su rendimiento y determinar qué características se seleccionan [47], el proceso de selección de características de envoltura implica cuatro pasos importantes, el primero de ellos es la generación de subconjuntos de características, seguido de la evaluación de los mismos, la interrupción del criterio y la validación de la prueba. Por lo anterior es posible solucionar este problema de selección utilizando un enfoque heurístico, el cual involucra una búsqueda progresiva, completa y aleatoria de características para producir nuevos subconjuntos. La eficiencia del nuevo subconjunto se mide y se utiliza como parámetro de evaluación, posteriormente se compara con el subconjunto anterior y se selecciona el mejor, este proceso de comparación se repite hasta que se alcanza el criterio de parada [48].

Algunos ejemplos del método de envoltura incluyen: optimización de enjambre de partículas binarias, optimización de colonias de hormigas, algoritmo de crecimiento de árbol binario modificado y algoritmos genéticos [49].

2.9.1. Algoritmos genéticos

Los algoritmos genéticos se han utilizado ampliamente para resolver problemas de optimización, estos se basan en la selección natural, siendo el cromosoma un posible vector de características, el cual a su vez está conformado por genes que representan cada uno de los elementos del vector. Para iniciar un algoritmo genético, primero se forma aleatoriamente una población inicial con diversas cromosomas, las nuevas poblaciones se producen mediante el uso iterativo de operadores

genéticos en individuos presentes en la población inicial. Entre los principales operadores genéticos se encuentran la selección, el cruce, la mutación y el cálculo de la función de aptitud [3].

Como se mencionó anteriormente, para iniciar el proceso de optimización por algoritmos genéticos es necesario establecer una población inicial (P) con i cantidad de elementos (cromosomas) que a su vez tienen j cantidad de genes, esta población P debe formarse de manera aleatoria. Una vez establecida la población P se calcula la aptitud de cada cromosoma, en este caso en específico el porcentaje de clasificación que logra el vector de características.

Calculado el nivel de aptitud para optimizar la tarea se seleccionan dos cromosomas en función de su aptitud, a dichos elementos se les aplica el operador de cruce lo cual produce descendencia, en otras palabras, un nuevo vector de características (C_1). Finalizado el cruce se aplica el operador de mutación a la descendencia, el cual establece una probabilidad de mutación para generar (C_2), la nueva descendencia C_2 se coloca en una nueva población, el proceso de selección, cruce y mutación se mantienen en un proceso iterativo sobre la población P hasta generar una nueva población P_2 [3].

El algoritmo es de carácter iterativo, por lo que se detiene hasta alcanzar el número de repeticiones o hasta llegar al valor deseado de exactitud. En última instancia, se selecciona el mejor cromosoma global como el subconjunto de características óptimas [2].

Los algoritmos genéticos utilizan una variedad de operadores durante el proceso de búsqueda. Estos operadores son esquemas de cruce, mutación y selección.

Cuadro 2.1: Descripción de los distintos operadores relacionados al proceso de selección [2, 3].

Operador selección	Descripción
Rueda de ruleta	A todos los cromosomas que están presentes en la población se le asigna un espacio de una ruleta en función de su valor de aptitud. Luego, esta rueda se gira para seleccionar los cromosomas que van a cruzarse, lo que ocasiona una selección aleatoria, siendo los cromosomas más aptos los que tiene más probabilidad de salir seleccionados.
Torneo	La población es subdividida de forma aleatoria, y los miembros de cada subconjunto participan entre ellos para ser seleccionados, siendo los individuos con mayor valor de aptitud los que se agregan al grupo de la próxima generación.
Selección de rango	Se le asigna una posición ordinal a cada cromosoma de la población de acuerdo a su nivel de aptitud, la selección se basa en este ranking.
Muestreo universal estocástico	Utiliza un punto de partida aleatorio en la lista de individuos de una generación y selecciona al nuevo individuo a intervalos uniformemente espaciados.
Selección elitista	El objetivo es que el individuo con mayor aptitud de una generación siempre pase sus genes a la siguiente generación. Si el individuo con mayor aptitud no está presente en la formación de la siguiente generación, se incluye de manera automáticamente.

Los operadores cruzados se utilizan para generar la descendencia combinando la información genética de dos o más padres.

Cuadro 2.2: Descripción de los distintos operadores relacionados con el proceso de cruce [2, 3].

Operador cruce	Descripción
Un solo punto	En un cruce de un solo punto, se selecciona un punto de cruce aleatorio.
Dos puntos o k puntos	Se seleccionan dos o más puntos de cruce aleatorios y la información genética de los padres se intercambiará según los segmentos que se hayan creado.
Parcialmente emparejado	Uno de los padres dona una parte del material genético, mientras que el segundo padre dona el resto de los cromosomas.
Sustituto reducido	Reduce los cruces innecesarios si los padres tienen la misma secuencia de genes para las representaciones de soluciones.
Ciclo	Intenta generar una descendencia utilizando padres donde cada elemento ocupa la posición refiriéndose a la posición de sus padres. En el primer ciclo, toma algunos elementos del primer padre. En el segundo ciclo, toma los elementos restantes del segundo.

La mutación es un operador que mantiene la diversidad genética de una población a la siguiente.

Cuadro 2.3: Descripción de los distintos operadores relacionados con el proceso de mutación [2, 3].

Operador de mutación	Descripción
Desplazamiento	Desplaza una subcadena de una solución individual dada dentro de sí mismo. El lugar se elige al azar de la subcadena dada para el desplazamiento.
Inversión simple	Invierte la subcadena entre dos ubicaciones específicas en una solución individual.
Intercambio y mutación de inserción	Una parte de una solución individual se intercambia con otra parte o se inserta en otra ubicación, respectivamente.
Mutación codificada	Coloca los elementos en un rango específico de la solución individual en un orden aleatorio y comprueba si el valor de aptitud de la solución generada recientemente ha mejorado o no.

2.10. Clasificación

Un sistema de clasificación tiene la función de reconocer los patrones de señales y en función de dichos patrones, asignarles una categoría previamente definida. El clasificador debe ser robusto, es decir, que sea capaz de mantener su porcentaje de clasificación a pesar de existir cambios en la señal como lo puede ser la intensidad de la misma, esto debido a la complejidad de las señales EMG y los posibles factores externos, los cuales influyen en las características de la misma. Por lo que el clasificador debería ser capaz de adaptarse a los cambios durante el funcionamiento [40]. Existen una gran gama de métodos de clasificación entre los que se encuentran métodos clásicos como: LDA, SVM, KNN, análisis bayesiano, FL, modelos ocultos de Markov, y redes neuronales artificiales, entre otros. Sin embargo, la clasificación de EMG con SVM ha demostrado un gran desempeño en términos de precisión [5, 6].

2.10.1. Máquina de vectores de soporte:

SVM se estima como uno de los enfoques más populares utilizados en la clasificación binaria, como lo puede ser si se hizo o no un movimiento. Es un enfoque de clasificación de datos efectivo que proyecta los datos de baja dimensión a un espacio de características de alta dimensión a través de la función del Kernel. SVM trabaja encontrando un hiperplano para distinguir diferentes categorías en el espacio de alta dimensión a través del proceso de entrenamiento. A partir de esto, el problema más crucial al construir el modelo SVM es determinar la función óptima del Kernel y los valores de sus parámetros [5, 15].

El proceso de entrenamiento de un sistema SVM es la solución a un problema de optimización por programación cuadrática, dicha solución es única y global para el sistema. Teniendo los datos de entrada $\{(x_1, x_2) \dots (x_n, x_m)\} \in R^n \times \{1, -1\}$ donde x_i es el valor de entrada y y_i es la clase asignada a la que pertenece $\{1 \text{ o } -1\}$, la cual corresponde a una salida binaria. Si estos valores coordenados no se pueden separar de forma lineal, se aplica una transformación no lineal $\phi : R^N \rightarrow R^M$, en este nuevo espacio los datos transformados serán linealmente separables. Dando como resultado que el hiperplano obtenido que separa los tipos de objetos puede verse como [6, 15]:

$$\omega \cdot \phi + b = 0, \quad (2.32)$$

donde $\omega \in R^M$ y $b \in R$.

La solución del problema por programación cuadrática construye un hiperplano, como los datos originalmente no son separables linealmente, no existe ningún hiperplano que discrimine perfectamente las clases. En consecuencia, podemos encontrar un hiperplano con el error más bajo, con un valor máximo de separación y un error cerrado $\zeta = (\zeta_1, \dots, \zeta_m)$, dando como resultado [6, 15]:

$$\min \frac{1}{2} \|\omega\|^2 + C \sum_{i=1}^m \zeta_i, \quad (2.33)$$

Donde C es un parámetro de regularización para la ponderación, el término de penalización en la función del objetivo y ζ_i es la variable de holgura para cada instancia de entrenamiento x_i .

Si x_i está clasificado correctamente, entonces $i = 0$. Si x_i se encuentra dentro del margen o se clasifica erróneamente, entonces i se establece como la distancia de x_i en el hiperplano que lo separa. Las limitaciones del problema de optimización se convierten en [6, 15]:

$$y_i(\omega \cdot \phi(x_i) + b) \geq 1 - \zeta_i, i = 1, \dots, m. \quad (2.34)$$

Si los puntos de datos están demasiado cerca, se vuelve complicado generar la separación por lo que es posible usar una función del Kernel K para separarlos. Es decir:

$$F(\alpha) = \sum_{i=1}^m \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{j,k=1}^m \alpha_j \alpha_k y_j y_k K(x_j, x_k), \quad (2.35)$$

donde $K(x_j, x_k)$ es la función del Kernel, que puede ser una RBF, una gaussiana, un polinomio, etc.

2.11. Análisis de desempeño de un clasificador

Los grandes conjuntos de datos no están disponibles en varias ocasiones. Por esta razón, no es fácil dividirlos en un conjunto de entrenamiento relevante y un conjunto de prueba confiable. Cuando la base de datos es pequeña, las mediciones estadísticas dependen en gran medida de cómo se trabajan los conjuntos de entrenamiento y prueba. Para superar este problema, se utiliza el método de validación cruzada (k-fold), que corrobora significativamente los resultados, especialmente en el caso de aplicaciones de pequeños conjuntos de datos.

El método implica dividir el conjunto de datos en k subconjuntos no superpuestos (un conjunto de entrenamiento y un conjunto de validación). Luego, el clasificador se entrena k veces. En cada ronda de entrenamiento, uno de los subconjuntos se convierte en el nuevo conjunto de prueba y el resto de los datos se utiliza como conjunto de entrenamiento. La eficiencia se calcula tomando un promedio de diferentes factores de k pruebas como se explica a continuación: los falsos positivos y negativos se calculan en cada una de las iteraciones que realiza el sistema, y estos se utilizan para calcular la precisión (2.36), especificidad (2.37), sensibilidad (2.38) y eficiencia (2.39).

$$Accuracy = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN} \quad (2.36)$$

$$Sensitivity = \frac{TP}{TP + FN} \quad (2.37)$$

$$Specificity = \frac{TN}{TN + FP} \quad (2.38)$$

$$Efficiency = \frac{(2.36) + (2.37) + (2.38)}{3} \quad (2.39)$$

TN son casos verdaderos negativos, FN casos falsos negativos, TP casos verdaderos positivos y FP casos falsos positivos. Para obtener la eficiencia total, se calcula el promedio de los k modelos entrenados [50].

Metodología

La metodología propuesta se desarrolla en esta sección, al igual que las consideraciones éticas necesarias para llevarla a cabo. El enfoque general de este trabajo se divide en 2 partes, la primera de ellos es el diseño y programación del algoritmo, cuya metodología general se muestra en la Figura 3.1. Por otro lado, el desarrollo del sistema de adquisición, en la Figura 3.2 se puede observar la metodología seguida para su desarrollo.

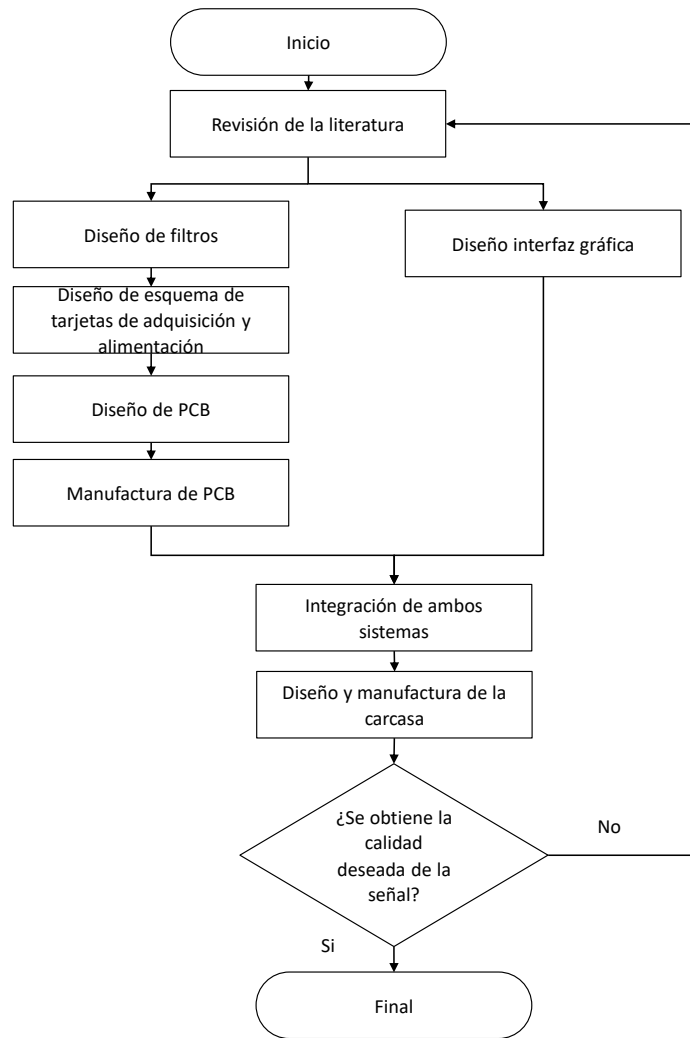


Figura 3.1: Diagrama de flujo para el desarrollo del algoritmo de selección de características.

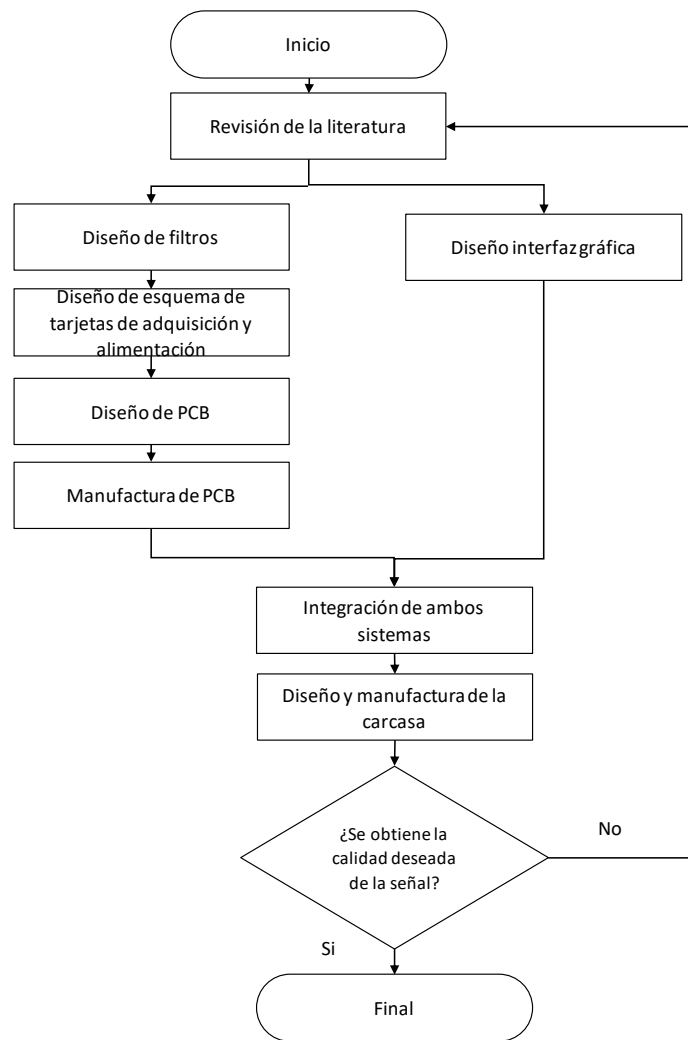


Figura 3.2: Diagrama de flujo de la para la creación del sistema de adquisición.

A continuación, se describirán cada una de estas etapas, además de consideraciones importantes.

3.1. Diseño y creación del sistema de adquisición

En este apartado se describe de forma detallada el desarrollo de la tarjeta de adquisición que fue usada en este trabajo de tesis.

3.1.1. Etapa 1: revisión de la literatura

En esta primera etapa, se llevó a cabo la revisión de la literatura, donde se definieron los principales anchos de banda para la clasificación muscular de personas sin enfermedades del aparato locomotor y sistema nervioso, sin amputaciones ni problemas de obesidad, en esta etapa también

se definieron los materiales a usar y las etapas del procesamiento analógico de la señal.

Músculos seleccionados: Como parte de la primera etapa se adquirirán de los músculos del Cuadro 3.1 el cual presenta un resume del origen y acción de los músculos cuyo potencial de acción serán medidos para el desarrollo de este trabajo de tesis.

Cuadro 3.1: Origen y acción de los músculos cuyo potencial de acción se utilizará para la clasificación de movimiento.

Músculo	Origen	Acción
Bíceps braquial (cabeza larga)	La cabeza larga se origina en el tubérculo supraglenoideo, por encima de la escapula.	Flexiona el antebrazo en la articulación del codo, supina el antebrazo en las articulaciones radiocubitales y flexiona el brazo en la articulación del codo
Tríceps braquial (cabeza larga)	Borde lateral del extremo distal del humero, la cabeza larga se origina en el tubérculo infraglenoideo.	Extiende el antebrazo en la articulación del codo y extiende el brazo en la articulación de hombro.
Flexor superficial de los dedos	Epicóndilo medial del humero, apófisis corónide del cubito y cresta a lo largo del borde lateral o la superficie anterior del radio (línea oblicua anterior del radio).	Flexiona la falange media de cada dedo en la articulación interfalángica proximal, la falange proximal de cada dedo en la articulación metacarpo-falángica y la mano en la articulación de la muñeca.
Extensor de los dedos	Epicóndilo lateral del humero.	Extiende las falanges distal y media de cada dedo en las articulaciones interfalangica, la falange proximal de cada dedo en la articulación metacarpo-falagica y la mano en la articulación de la muñeca.

3.1.2. Etapa 2: diseño del sistema de adquisición y alimentación.

La tarjeta consta de un *Headphone Jack* de 3.5 mm conectado a las entradas diferenciales del amplificador de instrumentación con ganancia de 1000 de grado médico (INA118UA) para poder implementar 1 canal bipolar. Conectado al amplificador de instrumentación se tiene un amplificador operacional en configuración integradora en retroalimentación entre la salida y la referencia con frecuencia de corte de 1.6 Hz con la finalidad de eliminar o ajustar el offset debido a la interfaz piel-electrodos, en la entrada diferencial del amplificador de instrumentación se tiene un seguidor

de voltaje para asegurar la calidad de la señal proveniente de los electrodos. En la siguiente etapa consta de los filtros descritos en el siguiente apartado.

Después de la etapa de filtrado se tiene un sumador de offset para compensar un posible voltaje de corriente directa que no fuera eliminado por la retroalimentación entre la salida y la referencia del amplificador de instrumentación mediante el amplificador operacional en configuración integradora. Las señales registradas por las tarjetas de adquisición fueron digitalizadas por medio del sistema de adquisición USB-6002-16 bits de National Instruments para su posterior envío a una computadora personal a través del protocolo USB.

Para el sistema de alimentación se utilizó un regulador de voltaje de conmutación TC7660SCPA, para poder alimentar el sistema con dos baterías recargables Li-ion de 3.4V en serie. El regulador TC7660SCPA en conjunto con un regulador de voltaje 7805 se encarga de generar los $-5 V$ de fuente dual, mientras que un regulador de voltaje 7805 genera la salida positiva ($+5 V$).

3.1.3. Etapa 3: diseño de los filtros analógicos

Se diseñó la parte de filtrado haciendo uso de *Filter Design Tool* de *Texas instruments* y *Multisim 14* para simular la respuesta de los circuitos. En esta etapa se realizó un filtrado analógico de 10 a 600 Hz, utilizando un filtro pasa bajas y pasa altas en serie, ambos topología Sallen-Key de segundo orden, finalmente, se tiene un filtro muesca Bainter Notch de segundo orden para filtrar la señal de 60 Hz proveniente de la fuente de alimentación. Los filtros descritos se llevaron a cabo haciendo uso del amplificador operacional LMC6064. Cabe resaltar que a la entrada de cada uno de los filtros se colocó un seguidor de voltaje para el acople de impedancias entre etapas de filtrado y evitar la distorsión de la señal.

3.1.4. Etapa 4 y 5: diseño y manufactura de PCB

En esta etapa se diseñó el PCB del sistema de adquisición de montaje superficial en EasyEDA®), utilizando un empaquetado para los elementos pasivos de 1206, y para los elementos amplificadores operacionales y el amplificador de instrumentación un empaquetado SOIC.

3.1.5. Etapa 6: diseño de interfaz gráfica

El diseño de la interfaz de usuario se llevó a cabo en NI LabVIEW 2021®). Dicha interfaz consta de 4 gráficas en tiempo real para la visualización de los 4 canales conectados al DAQ USB-6002, un espacio para selección de la frecuencia de muestreo, un apartado para el nombre y dirección de guardado del archivo, finalmente, una sección para el tiempo de duración de la prueba. Se creó un ejecutable .exe cuyo único requisito es que la computadora donde se ejecute cuente con LabVIEW Runtime.

3.1.6. Etapa 7 y 8: integración de los sistemas y diseño de la carcasa

En estas etapas finales, se probaron que la interfaz gráfica se comunicara de forma correcta con el sistema de adquisición USB-6002 y que todos los elementos dentro de la misma se sincronizaran. Por otro lado, se diseñó la carcasa externa en SolidWorks y se imprimió en 3D en PLA. Esto con la finalidad de hacer a la medida el diseño y evitar movimiento del sistema que pudiera provocar un accidente o comprometer la integridad de la señal.



Figura 3.3: Diagrama de flujo para la conexión de los canales de adquisición a la PC.

3.1.7. Etapa 9: comprobación de la calidad de la señal

Finalmente, en esta etapa se comprobó si la calidad obtenida era la necesaria para llevar a cabo la obtención y clasificación de las señales EMG. Para validar el funcionamiento de los filtros se utilizó un *Anlog Discovery* el cual es un osciloscopio y generador de funciones portable. Dicho dispositivo se utilizó para generar una señal sinusoidal de amplitud $3mV$ y frecuencia variable ($0.5 Hz$ a $10 kHz$) a la entrada diferencial de la tarjeta de adquisición y mediante el mismo *Anlog Discovery* se analizó que la atenuación fuera del rango de los filtros ($10 Hz$ a $600 Hz$) fuera la adecuada ($-3 db \geq$) y la amplitud fuera la esperada 1000 veces la señal de entrada ($3 V$).

3.1.8. Etapa 10: bases de datos

Para el proceso de adquisición de las señales EMG se utilizó un cable con terminales de entrada estilo broche para los electrodos. Estos cables tienen una longitud de 40 cm y cuentan con un conector de audio jack de $3.5mm$ a la salida. Los electrodos utilizados fueron de la marca *Kendall* de plata/cloruro de plata ($Ag/AgCl$) de $3.5cm$ de diámetro. El proceso de digitalización de la señal adquirida por las placas desarrolladas lo llevó a cabo el DAQ USB-6002 mediante la interfaz desarrollada, los archivos se guardaron en formato TDMS. El equipo utilizado para correr la interfaz fue una computadora portable *Lenovo Legion Y520-15IKBN*.

La primera base consta de 9 sujetos, 5 hombres y 4 mujeres, sin enfermedades del aparato locomotor y sistema nervioso, sin amputaciones ni problemas de obesidad. La base de datos comprende 7 movimientos de la pierna derecha (levantar la punta del pie, levantar el talón, mover la punta del pie hacia la derecha, mover la punta del pie hacia la izquierda, apoyar el talón sin levantar la punta del pie, apoyar la punta del pie sin levantar el talón y el estado de reposo). Para la experimentación se utilizaron electrodos bipolares que formaron 4 canales con la referencia en la rodilla. La frecuencia de muestreo fue de $1 kHz$. Se le pidió al sujeto de prueba que realizara los movimientos anteriores durante 6 s con 1 s de relajación para la experimentación. Cada movimiento se repitió 20 veces. Cabe mencionar que la base de datos mencionada fue proporcionada por [6].

Posteriormente, mediante el sistema de adquisición desarrollado en este trabajo, se obtuvo una base de datos que consta de las señales musculares de 9 personas de entre 23 y 27 años, con 5 hombres y 4 mujeres, sin enfermedades del aparato locomotor y sistema nervioso, sin amputaciones ni problemas de obesidad. La base de datos comprende cinco movimientos diferentes de brazos y manos (Flexión del brazo en la articulación del codo, extensión del brazo en la articulación del codo, flexión de los dedos, extensión de los dedos y estado de reposo). Para la experimentación se utilizaron cuatro canales bipolares y un electrodo de referencia colocado en el área dorsal de la muñeca. Se le pidió al sujeto de prueba que realizara los movimientos anteriores durante 6 s con 2 s iniciales de relajación. Cada movimiento se repitió 20 veces utilizando una frecuencia de muestreo

de 1.5 kHz . A continuación, se describe de forma detallada la colocación de los electrodos y los pasos llevados a cabo para el registro de las señales EMG.

Para la colocación de los electrodos sobre el bíceps braquial en su cabeza larga y el tríceps braquial cabeza larga, se siguieron las recomendaciones de SENIAM [37]. Para el bíceps braquial se pidió al voluntario que se sentara en una silla con el codo flexionado en ángulo recto y la cara dorsal del antebrazo en posición horizontal hacia abajo. Los electrodos se colocaron en la línea entre el acromion medial y el codo de la fosa a $\frac{1}{3}$ del codo de la fosa. Por otro lado, para el tríceps braquial, con el voluntario sentado con el hombro en aproximadamente 90 grados de abducción, con el brazo flexionado 90 grados y la palma de la mano apuntando hacia abajo, los electrodos se colocaron al 50 % en la línea entre la cresta posterior del acromion y el olécranon a 2 dedos de ancho medial a la línea.

Por otro lado, para el flexor superficial de los dedos y el extensor de los dedos, se buscó el vientre muscular para la colocación de los electrodos, siguiendo las indicaciones de personal capacitado (fisioterapeuta). En todo los casos se utilizó una separación entre electrodos de 20 mm .

Primero, el electrodo de referencia es colocado en área dorsal de la muñeca de la mano derecha. Posteriormente, los electros de lectura son colocados en los músculos seleccionados (2 electrodos por músculo para la adquisición diferencial de la señal). Una vez que los electrodos son colocados, estos se conectan al equipo de acondicionamiento/adquisición desarrollado, con el fin de monitorear y adquirir la información de los diferentes movimientos (flexión de brazo, extensión de brazo, extinción de los dedos, flexión de los dedos y reposo).

El proceso para monitorear los diferentes movimientos es el siguiente: primero, se le solicita al voluntario que en posición anatómica inicie el movimiento de flexión del antebrazo en la articulación del codo, procurando que el movimiento durará 6 s tras el tiempo inicial de reposo (2 s). Finalizado el movimiento se le pidió que regresara a posición anatómica con la finalidad de repetir la flexión, entre cada flexión del brazo se dio un descanso de 25 s para evitar la fatiga muscular. Una vez se repitió 20 veces el movimiento se dio 60 s de descanso.

Posteriormente, se le solicitó al voluntario que iniciara el movimiento de extensión del antebrazo en la articulación del codo, comenzando con una flexión relajada en la articulación del codo. Al igual que en el movimiento anterior finalizado el movimiento se le pidió al voluntario que regresara a posición anatómica con la finalidad de repetir la extensión, entre cada repetición se dio un descanso de 25 s para evitar la fatiga muscular. Una vez se completaron 20 reiteraciones del movimiento, se dieron 60 s de descanso.

A continuación, en posición anatómica, se le pide al voluntario que cierre el puño. Como penúltimo movimiento, iniciando desde una flexión débil de los dedos, se le pide al voluntario que abra el puño. Los dos movimientos anteriores se realizaron teniendo en cuenta las consideraciones anteriores. Finalmente, se le pide al voluntario que permanezca en posición anatómica, durante el tiempo de adquisición de la señal, esto para tomar referencia del estado basal. Para finalizar se desprenden los electrodos y se tiran en el contenedor de la basura.

El sistema de adquisición utilizado y la metodología para la adquisición fue aprobado por el comité de ética de la Universidad Autónoma de Querétaro el 21 de junio de 2021, con código de aprobación CEAIFI-068-2021-TP. De la misma manera que todos los voluntarios firmaron una carta de consentimiento informado, la cual fue aprobada por el comité de ética.

3.2. Diseño y programación del algoritmo de clasificación

En esta sección se describen las distintas etapas llevadas a cabo para el desarrollo del sistema de clasificación y selección de características. Es importante destacar que el desarrollo del algoritmo de selección y clasificación fue llevado a cabo con la base de datos de [18]. Por otro lado, la validación y comprobación del algoritmo se llevó a cabo con la base de datos desarrollada en este trabajo.

El preprocesamiento, caracterización, selección de características y la clasificación se llevó a cabo en *MATLAB R2018a*. Dichos procesos se llevaron a cabo en una laptop *Lenovo Legion Y520-15IKBN* de 8GB de RAM con un procesador Intel core i5-7300HQ de 2.5 GHz.

3.2.1. Etapa 1: revisión de la literatura

La etapa inicial consistió en el estudio del estado del arte, donde estudiaron los algoritmos que serán implementados en la selección de características y clasificación de las señales EMG.

3.2.2. Etapa 2: cálculo de características en el dominio del tiempo

La segunda etapa consistió en el preprocesamiento de las señales adquiridas, donde las señales se filtraron de forma digital en un ancho de banda de 10 Hz a 600 Hz haciendo uso de un filtro Butterworth de cuarto orden. Posterior a esto se extrajeron los 26 predictores descritos en la sección de Fundamentación teórica: fundamentación teórica para cada uno de los 4 canales. Las características se extrajeron considerando las señales completas y para cada una de las ventanas obtenidas a partir de la señal original. Las ventanas tiene una duración de 250 ms con 190 ms de superposición.

Una vez extraídas las características se hizo un acomodo matricial de las mismas, dando como resultado dos matrices para cada una de las bases de datos. La primera de ellas corresponde a las características de las señales sin segmentar, dando como resultado una matriz donde las filas corresponden a las 20 pruebas \times 8 personas \times los distintos movimientos (7 movimientos para la base de datos de la pierna derecha [6] y 5 movimientos para la base de datos del brazo derecho) y las columnas a los 26 predictores \times los 4 canales. La segunda matriz corresponde a las señales segmentadas, en esta ocasión las filas corresponden al número de ventanas \times las 20 repeticiones \times 8 personas \times por los distintos movimientos (7 movimientos para la base de datos de la pierna derecha y 5 movimientos para la base de datos del brazo derecho) y las columnas a los 26 predictores \times los 4 canales.

3.2.3. Etapa 3: diseño e integración del algoritmo genético y SVM

Al inicio de esta etapa se implementó un análisis estadístico ANOVA y mediante las gráficas de cajas verificar que la distribución estadística de los datos de una señal completa (5 s) fuera similar al de las ventanas (250 ms), con el objetivo de utilizar las señales completas para seleccionar las características que posteriormente serán utilizadas para la clasificación de las ventanas. Lo anterior debido a que al utilizar todas las ventanas resultantes de la segmentación, el proceso de selección toma demasiado tiempo (3 h por iteración del algoritmo genético). Adicionalmente, se utilizaron los resultados de ANOVA para eliminar las características que no presentaban una diferencia estadística relevante para la base de datos de la pierna derecha. Por otro lado, se ingresaron el total de características para la eliminación mediante algoritmos genéticos para la base del brazo derecho.

Se aplicó el algoritmo genético para minimizar el error promedio de clasificación usando el error promedio calculado **mediante validación cruzada** dividiendo el total de los datos en 10 subconjuntos como función de costo a minimizar como se muestra en la Figura 3.4. Por otro lado, en la Figura 3.5 se muestra un diagrama resumido del proceso de integración de los algoritmos genéticos con SVM. El clasificador implementado fue SVM multi-clase: uno contra todos haciendo uso de las funciones kernel gaussiana y lineal. Cabe mencionar que el 70% de las señales completas se utilizaron para la selección de parámetros y el entrenamiento del SVM, mientras el 30% restante se reservó para validar los porcentajes preliminares de eficiencia del algoritmo.

Los operadores utilizados para el algoritmo genético fueron:

- Operador de selección: rueda de ruleta
- Operador de cruce: dos puntos
- Operador de mutación: mutación uniforme

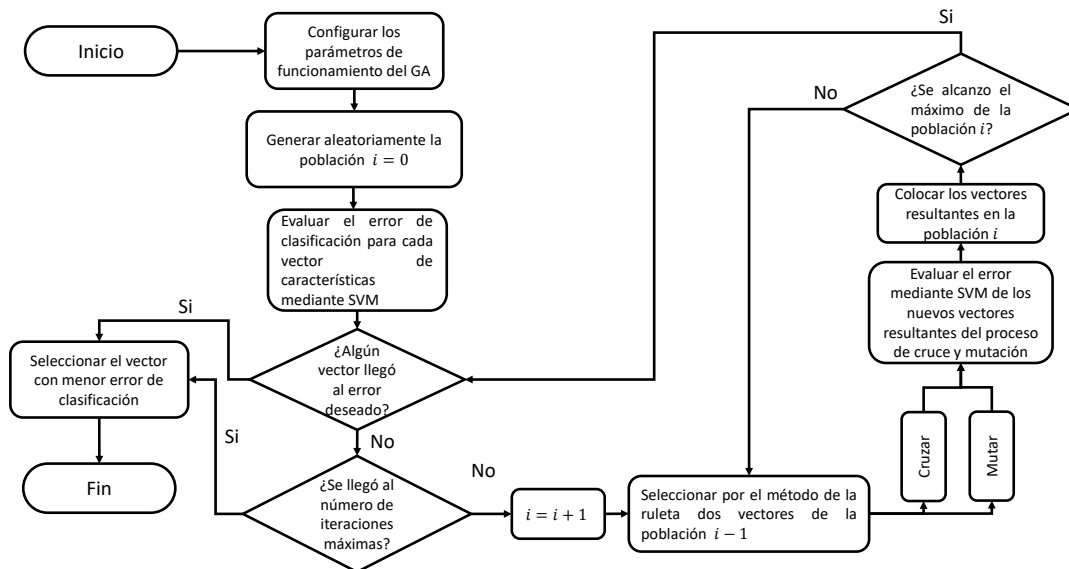


Figura 3.4: Diagrama de flujo para la integración de los algoritmos genéticos y SVM.

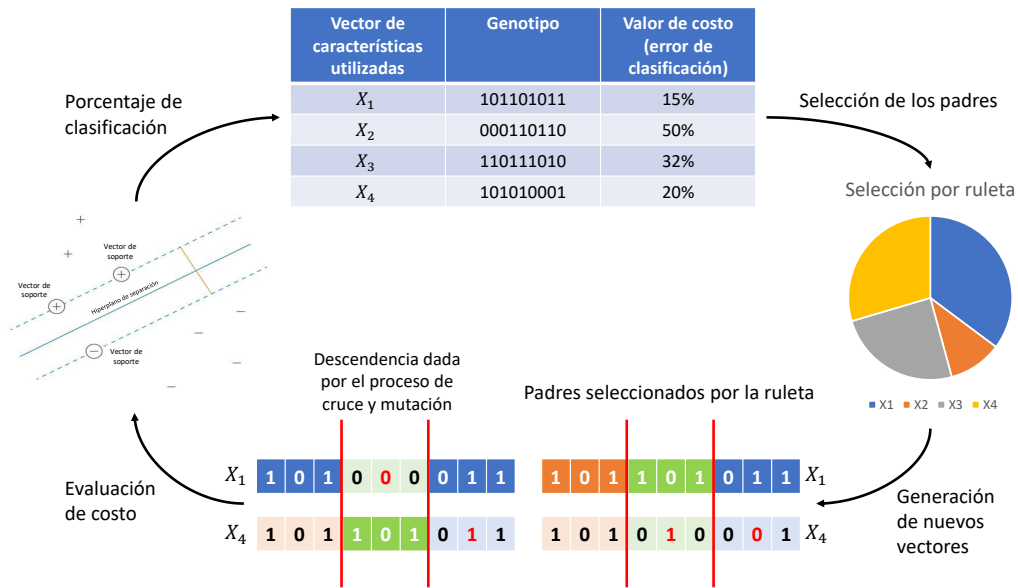


Figura 3.5: Diagrama de flujo resumido para la integración de los algoritmos genéticos y SVM.

3.2.4. Etapa 4: validación

Finalmente, con el espacio de características reducido de la base de datos de [6] se entrenó un SVM final con el que se comprobaron los niveles de eficiencia del algoritmo propuesto haciendo uso del 30% de las ventanas para el entrenamiento y 70% para la validación final. Posteriormente, se aplicó el algoritmo a la base de datos propia. Una vez que se seleccionó el vector de características se entrenó un SVM con el 25% de las ventanas y el 75% se utilizó para validar el desempeño.

El desempeño final de SVM se evaluó mediante el cálculo de la eficiencia, exactitud, sensibilidad y especificidad derivadas de la matriz de confusión.

Resultados y discusión

En esta sección se muestran y analizan los resultados obtenidos, tanto del sistema de adquisición como del algoritmo de selección y clasificación.

4.1. Sistema de adquisición

En esta subsección se muestran los resultados del proceso de creación del sistema de adquisición.

4.1.1. Entrada al amplificador de instrumentación

En esta primera etapa se tiene un amplificador de instrumentación. Adicionalmente, se tiene una retroalimentación entre la salida y la referencia mediante un amplificador operacional en configuración integradora, esto como la solución para el problema de compensación de acuerdo a la hoja técnica, en otras palabras, esta configuración elimina el *offset* producido por la interacción del electrodo y la piel llamado potencial de media celda.

En particular, el amplificador de instrumentación seleccionado para la construcción del prototipo, fue el INA118 porque presenta una corriente de compensación máxima de $\pm 2 \text{ nA}$ (a $25 \text{ }^\circ\text{C}$) con un incremento típico de $\pm 8 \text{ pA}$ por cada $^\circ\text{C}$ de incremento de temperatura, significa que el voltaje de compensación equivalente para una impedancia de piel de electrodo de $1 \text{ M}\Omega$ podría ser tan alto como 2 mV , que luego se amplifica y se ve en la salida como un voltaje *offset* de 2 V . De aquí es de donde surge la importancia del integrador como retroalimentación del amplificador de instrumentación, ya que un voltaje de corriente directa de 2 V podría saturar las salidas de los filtros, imposibilitando la correcta adquisición de la señal EMG.

La Figura 4.1 muestra la implementación de la primera etapa.

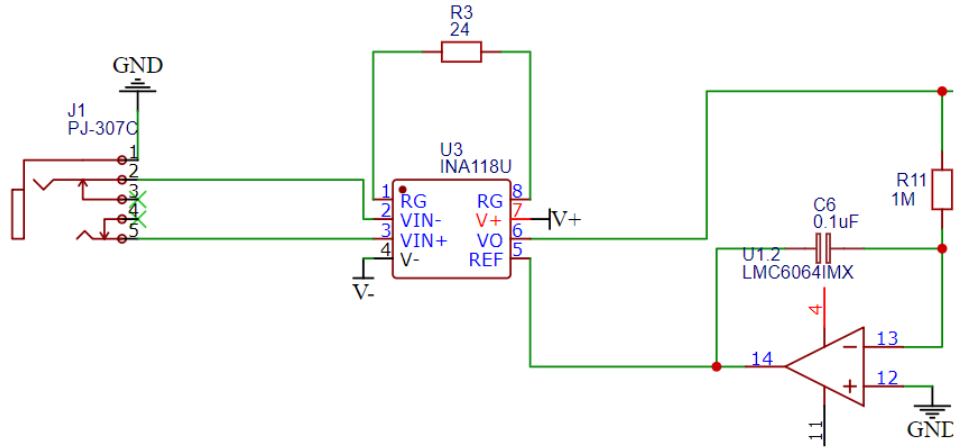


Figura 4.1: Diagrama eléctrico del amplificador de instrumentación para la adquisición diferencial de las señales EMG.

4.1.2. Filtrado

Debido a que la banda de frecuencia de la señal EMG es relativamente estrecha, con un rango de 10 Hz a 500 Hz , un filtro pasa de banda fue diseñado para reducir los componentes frecuentes más allá de este rango.

El filtro pasa altas se diseñó para eliminar las componentes de baja frecuencia debido a artefactos de movimiento, inestabilidad de la interfaz entre la piel y el electrodo, ruido debido al de modo común, polarización del electrodo y otras señales de baja frecuencia que a menudo ocultan la señal del biopotencial bajo investigación. Por otro lado, la parte de pasa bajas del filtro es necesaria para eliminar el posible ruido de alta frecuencia introducido por el circuito de medición.

Se implementaron filtros Butterworth de segundo orden para con una topología Sallen-Key, el diseño se llevó a cabo mediante la herramienta *Filter Design Tool* de *Texas Instrument*. Las ventajas del filtro Butterworth es que no presenta rizado en las bandas de paso y de supresión, además de que es suave, es decir, la respuesta de la frecuencia decrece monótonamente en la región de transición. Adicionalmente, la ventaja de una topología Sallen-Key es que los filtros pueden conectar en cascada sin que las etapas afecten a la sintonización de las demás[51].

En la Figura 4.2 se puede observar el diseño del filtro pasa baja con frecuencia de corte ideal de 500 Hz ; sin embargo, debido al uso de valores comerciales de resistencias y capacitores, la frecuencia de corte esperada es próxima a 633 Hz como se muestra en la Figura 4.3. Por otro lado, se tiene una atenuación de -40 db a 6 kHz . Donde -3 db corresponde a una atenuación de factor de 0.707, mientras que -40 db correspondiente a la banda de supresión corresponde a un factor de atenuación de 0.01.

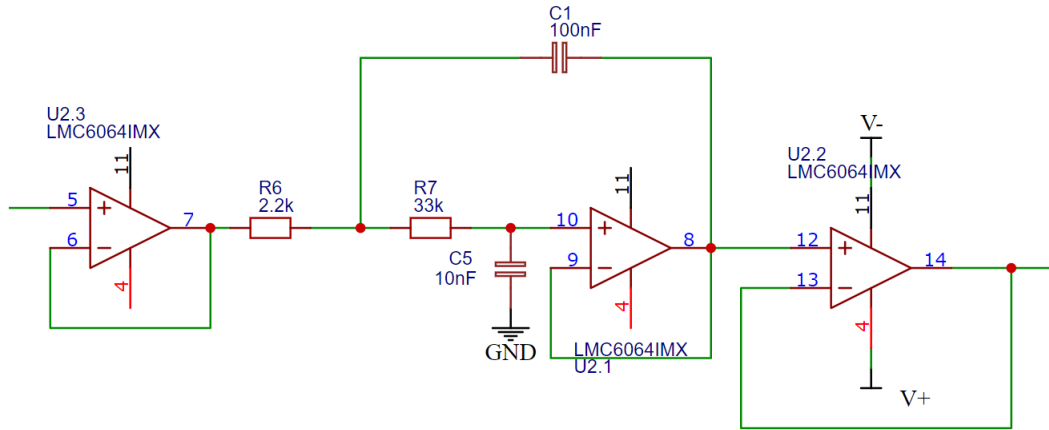


Figura 4.2: Diagrama eléctrico del filtro Butterworth pasa bajas de segundo orden topología Sallen-Key.

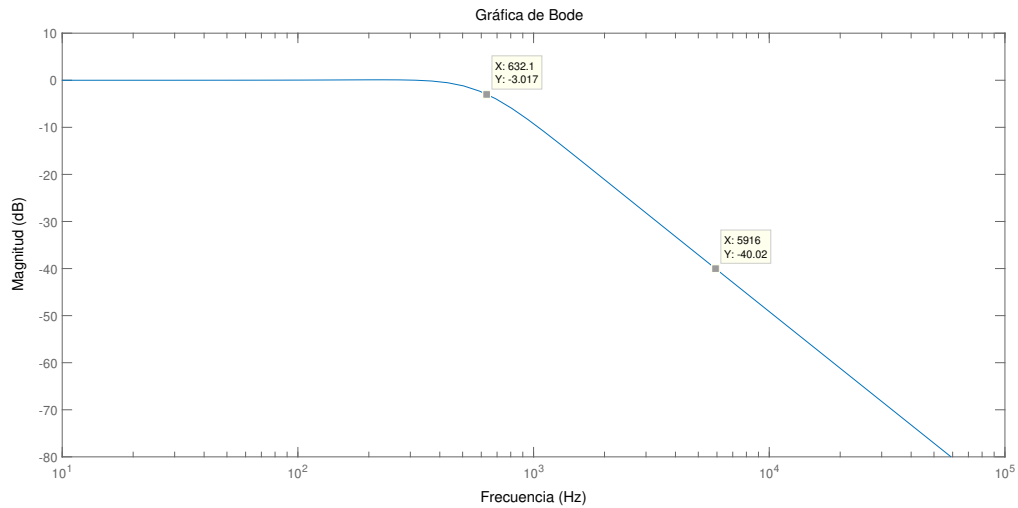


Figura 4.3: Diagrama de Bode para el filtro Butterworth pasa bajas de segundo orden topología Sallen-Key con frecuencia de corte de 633 Hz donde se muestra una atenuación de -3 db y -40 db .

En la Figura 4.4 se puede observar el diseño del filtro pasa alta con frecuencia de corte ideal de 10 Hz , sin embargo, debido al uso de valores comerciales de resistencias y capacitares, la frecuencia de corte esperada es próxima a 10.1 Hz como se muestra en la Figura 4.5.

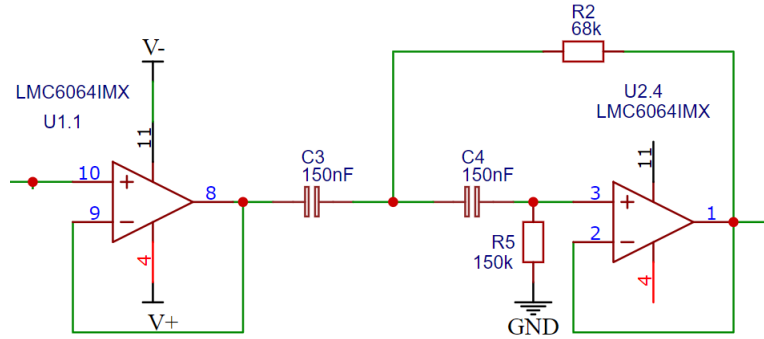


Figura 4.4: Diagrama eléctrico del filtro Butterworth pasa altas de segundo orden topología Sallen-Key.

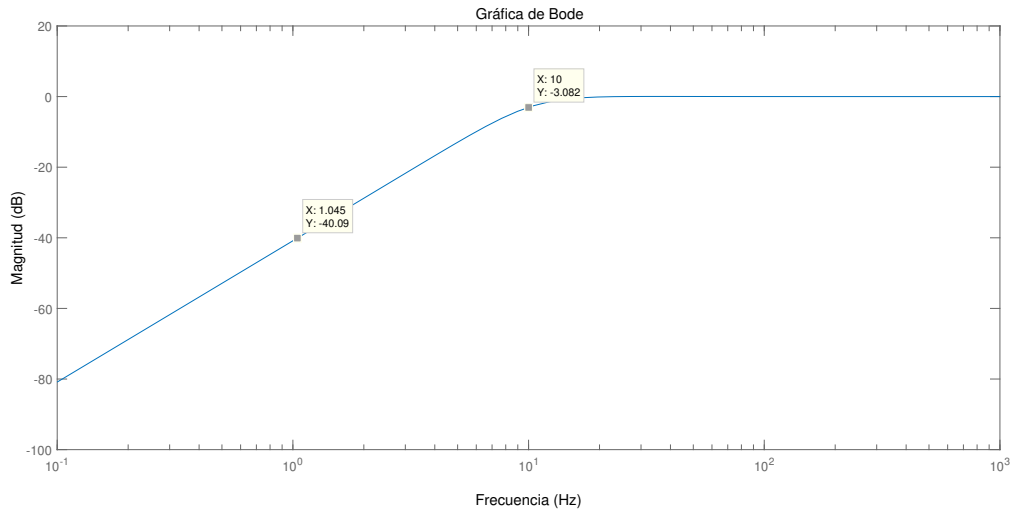


Figura 4.5: Diagrama de Bode para el filtro Butterworth pasa altas de segundo orden topología Sallen-Key con frecuencia de corte de 10 Hz donde se muestra una atenuación de -3 db y -40 db .

En condiciones ideales, el ruido de la línea de alimentación es común, por lo que puede eliminarse con un amplificador de instrumentación. Pero el desequilibrio de la resistencia del tejido y la resistencia de los electrodos de la piel transfieren fácilmente el ruido común al ruido diferencial. Por lo tanto, se utilizó un filtro Notch topología Bainter de segundo orden con frecuencia central de 60 Hz . El esquemático del filtro se muestra en la Figura 4.6, la cual tiene una atenuación máxima en 58.9 Hz como muestra la Figura 4.7. Las ventajas que ofrece el filtro tipo Bainter es que el factor Q de la muesca depende de la ganancia de los amplificadores en lugar de la coincidencia de componentes. En consecuencia, la profundidad de la muesca no es sensible a la deriva de temperatura o al envejecimiento, por lo que el filtro de muesca de Bainter es definitivamente una topología recomendada para la construcción de filtros de supresión de banda [52].

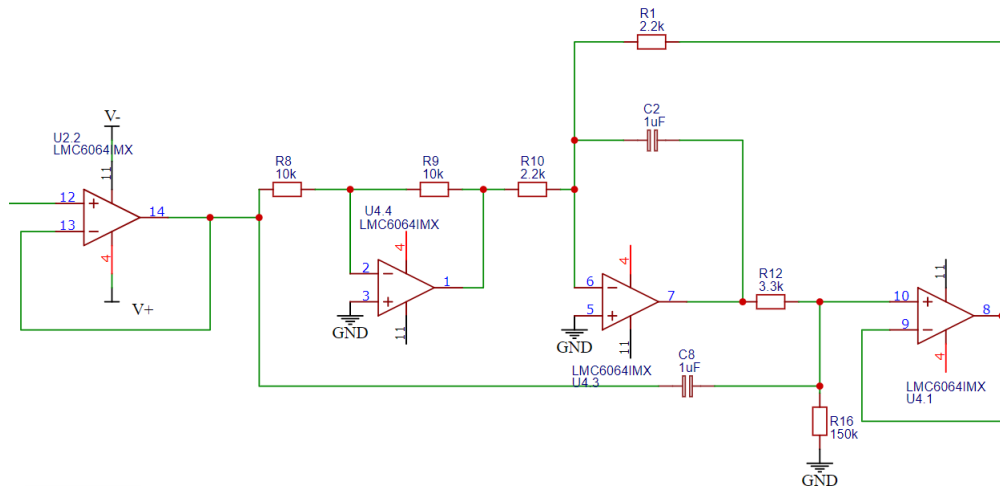


Figura 4.6: Diagrama eléctrico del filtro Notch de segundo orden topología Bainter.

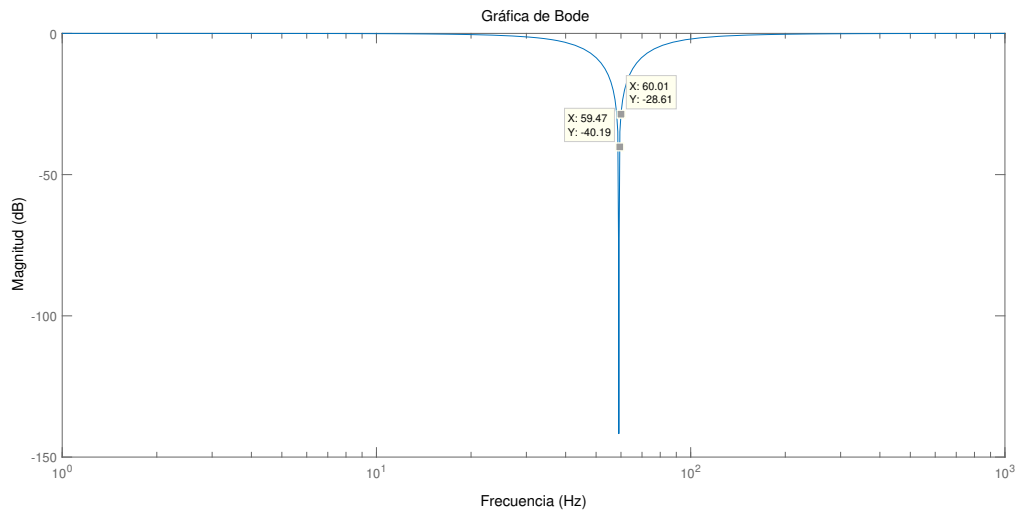


Figura 4.7: Diagrama de Bode para el filtro Notch de segundo orden topología Bainter con frecuencia de corte de 60 Hz donde se muestra una atenuación de -28.69 db .

La configuración de los tres filtros en serie se muestra en la Figura 4.8 y la respuesta en frecuencia en la Figura 4.9. Se puede observar que el filtro musca atenúa frecuencias cercanas a 60 Hz .

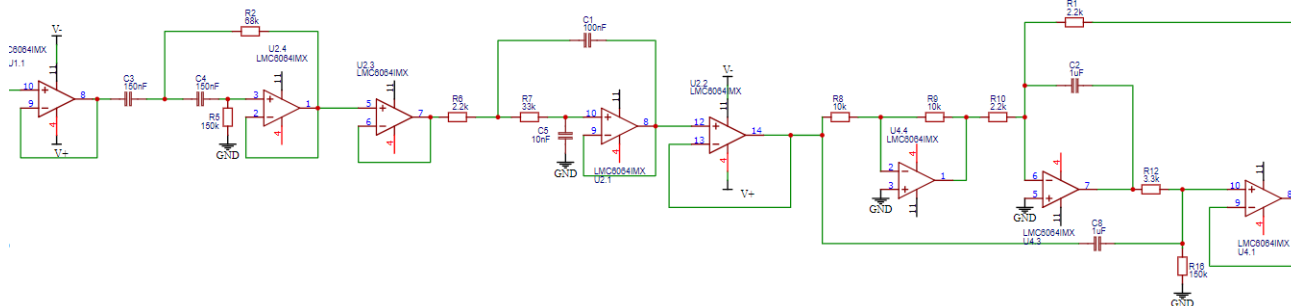


Figura 4.8: Diagrama eléctrico del sistema de adquisición EMG completo.

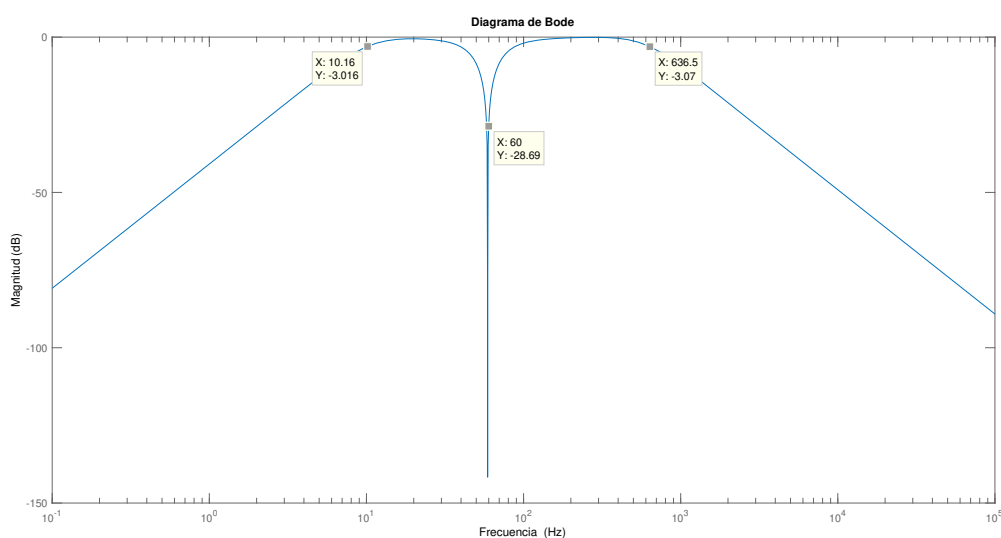


Figura 4.9: Diagrama de Bode de la respuesta del sistema de filtrado.

Cabe mencionar que los filtros utilizados fueron de segundo orden por dos razones; la primera de ellas es que no se requiere más de un amplificador operacional para la configuración pasa altas y pasa bajas, lo que nos permitió diseñar un sistema de adquisición compacto, el segundo motivo fue que a mayor orden mayor desfase de la señal se tiene, y al estar compuesto por 3 etapas de filtrado en serie el orden general del filtro sería de sexto orden. Finalmente, se utilizó la topología Bainter para el filtro de muesca porque aparte de las ventajas antes mencionadas, fue el filtro que menor atenuación ofreció para las señales cercanas a 60 Hz en relación al nivel de atenuación de la frecuencia de corte.

4.1.3. Ajuste de offset

Finalmente, se coloca un circuito de elevación de nivel para ajustar el voltaje de salida, esto debido a que en ciertas ocasiones se produce un voltaje *offset* del orden de los mV a la entrada del

amplificador de instrumentación, lo que ocasiona que tras la amplificación se tengan voltajes DC del orden de volts. En la Figura 4.10 se muestra la configuración a implementar.

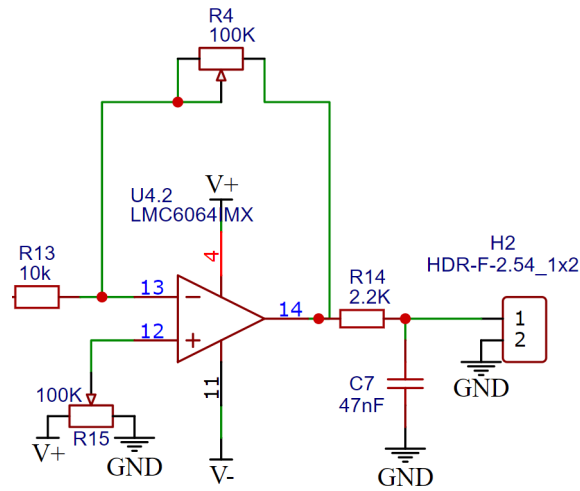


Figura 4.10: Diagrama eléctrico del sistema de ajuste de offset.

Una vez finalizado la simulación se diseñó y manufacturó el sistema de adquisición el cual se muestra en la Figura 4.11 y cuyo resultado final se muestra en la Figura 4.12.

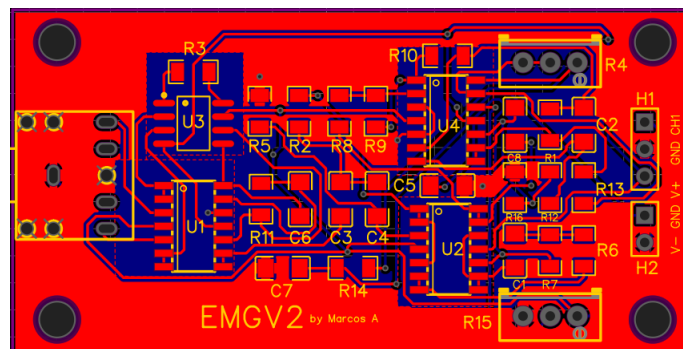


Figura 4.11: Diseño PCB.

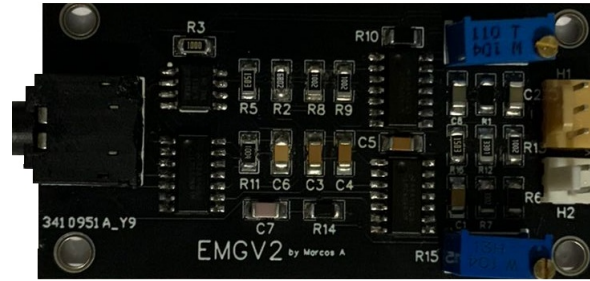


Figura 4.12: Placa física.

4.1.4. Diseño y manufactura del sistema de alimentación

Para asegurar la seguridad del paciente y la portabilidad del sistema de adquisición se utilizaron dos recargables baterías de Li-on de 3.4 V en serie para alimentar el circuito, esto también nos ayudó a eliminar el voltaje alterno de 60 Hz proveniente de a alimentación de un tomacorriente. Sin embargo, cada uno de los canales requiere $\pm 5 V$ para funcionar, por lo cual se utilizó un regulador de voltaje de conmutación TC7660SCPA para generar el voltaje negativo, un regulador LM7905 para regular el voltaje a $-5V$ y un regulador LM7085 para obtener un voltaje de salida de 5V. El esquema final del sistema de alimentación se muestra en la Figura 4.14.

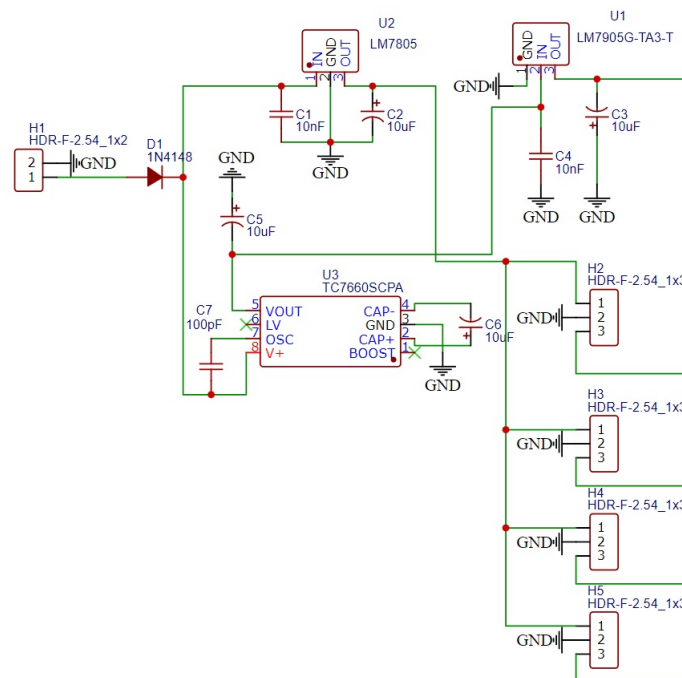


Figura 4.13: Diseño eléctrico del sistema del alimentación dual de $\pm 5V$.

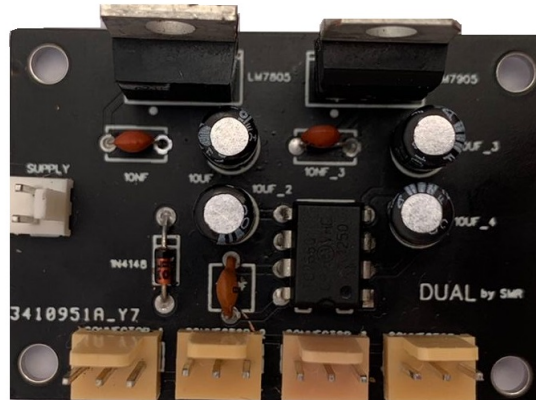


Figura 4.14: Placa del sistema del alimentación.

4.1.5. Diseño y manufactura de carcasa del sistema de adquisición

La carcasa externa del sistema de adquisición se llevó acabo en *solidworks*, esta se diseñó con el objetivo de mantener tanto los canales de adquisición como la alimentación fijas para evitar movimientos producidos al momento de realizar las pruebas y así disminuir el ruido debido a ello. En la Figura 4.15 se muestra el sistema de adquisición integrado, mientras que en las Figuras 4.18, 4.19, 4.20 y 4.21 se observan distintas vistas del sistema de adquisición.

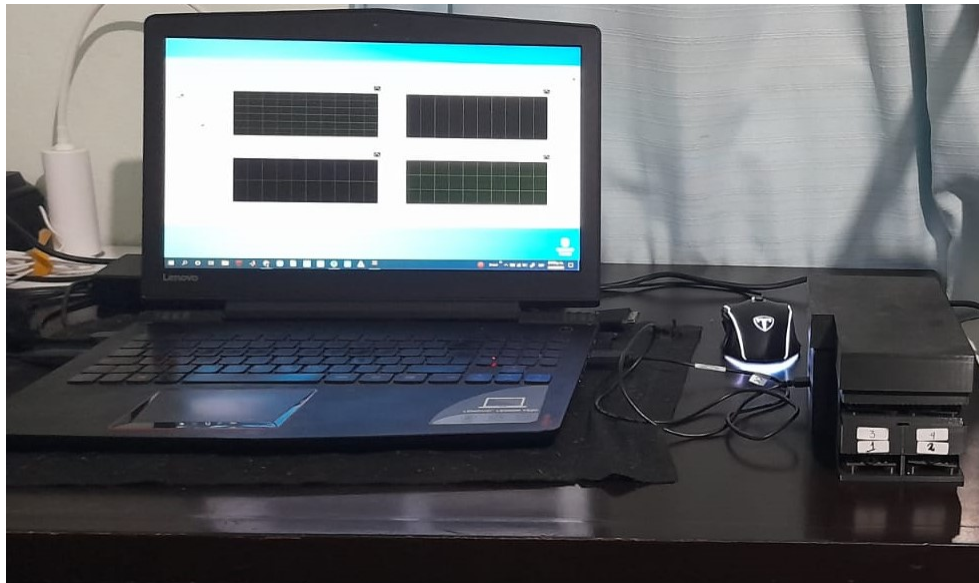


Figura 4.15: Sistema de adquisición integral.

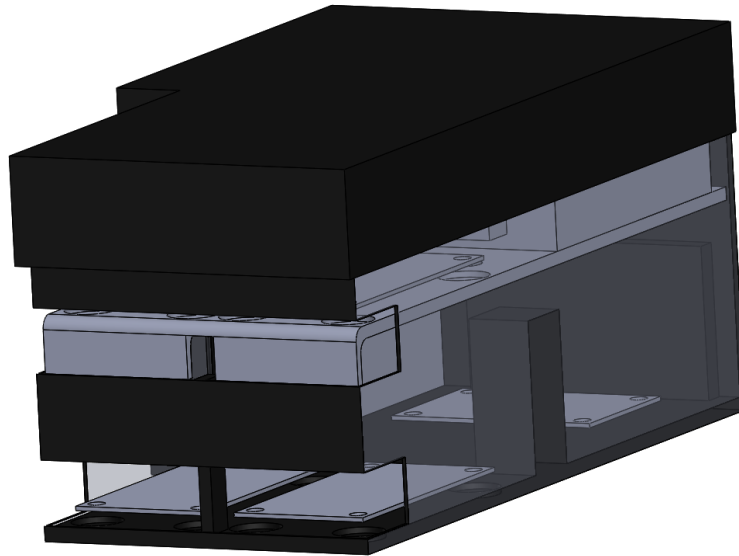


Figura 4.16: Vista frontal del diseño de la carcasa en *solidworks*.



Figura 4.17: Vista lateral del diseño de la carcasa en *solidworks*.

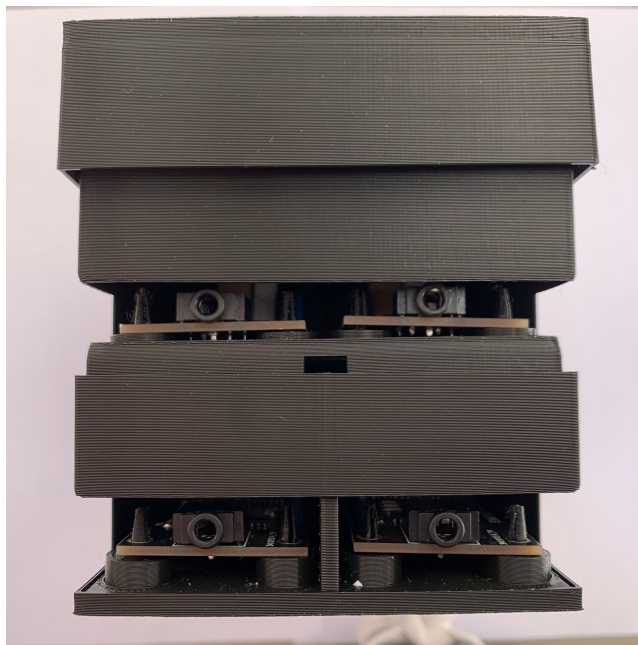


Figura 4.18: Vista frontal del sistema de adquisición EMG.

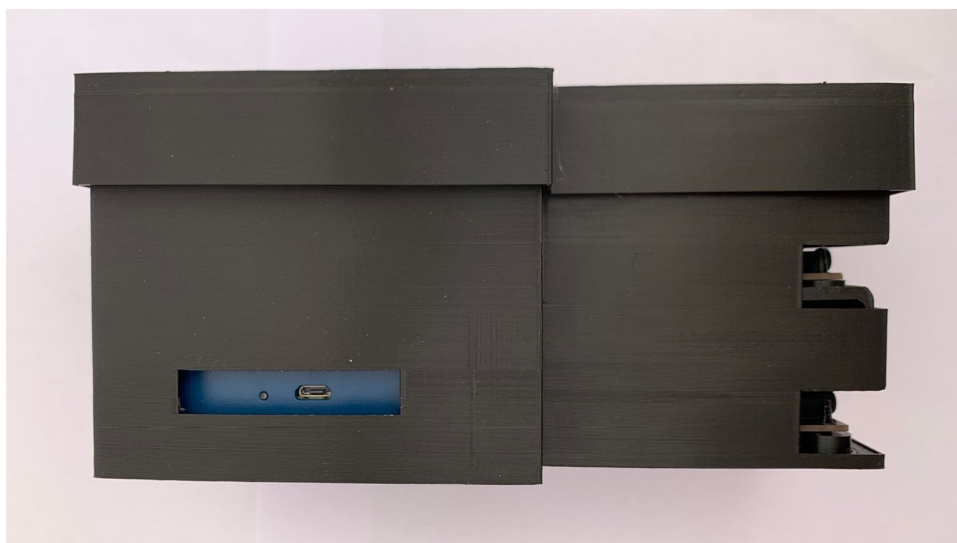


Figura 4.19: Vista lateral del sistema de adquisición EMG.



Figura 4.20: Vista área del primer piso del sistema de adquisición EMG.

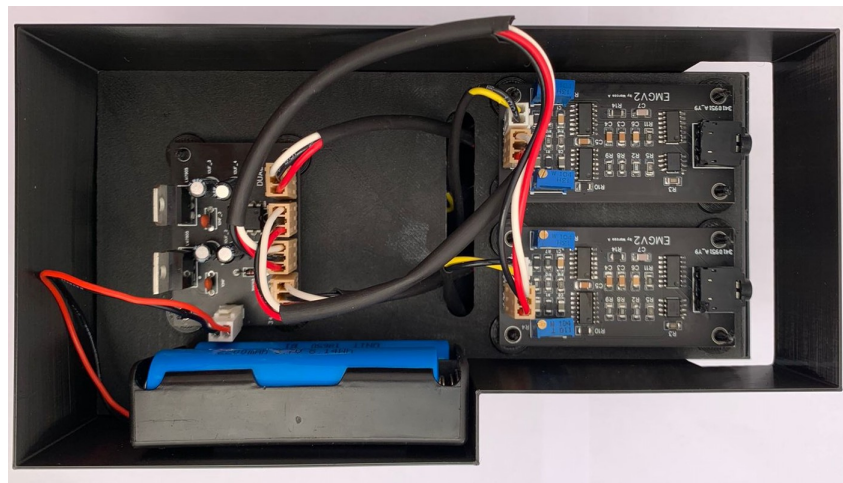


Figura 4.21: Vista área del segundo piso del sistema de adquisición EMG.

4.1.6. interfaz gráfica

Una vez finalizado el sistema de adquisición, se creó una interfaz de usuario en *NI LABview 2021*, debido a que el convertidor DAQ de adquisición requería ser programado en este software. Mediante la cual se puede seleccionar la frecuencia de muestreo, la dirección y nombre para el guardado del archivo, finalmente la dirección de la prueba.

Una vez concluida la interfaz, se creó un ejecutable .exe para que en cualquier computadora se pudiera utilizar sin necesidad de tener *NI LABview 2021* instalado, siendo el único requisito instalar *LabVIEW Runtime*. La interfaz gráfica se muestra en la Figura 4.23.

Los archivos resultados de cada prueba TDMS, los cuales pueden ser leídos en MATLAB mediante la extensión *Reading TDM/TDMS Files with The MathWorks* creada por *National Instruments*.

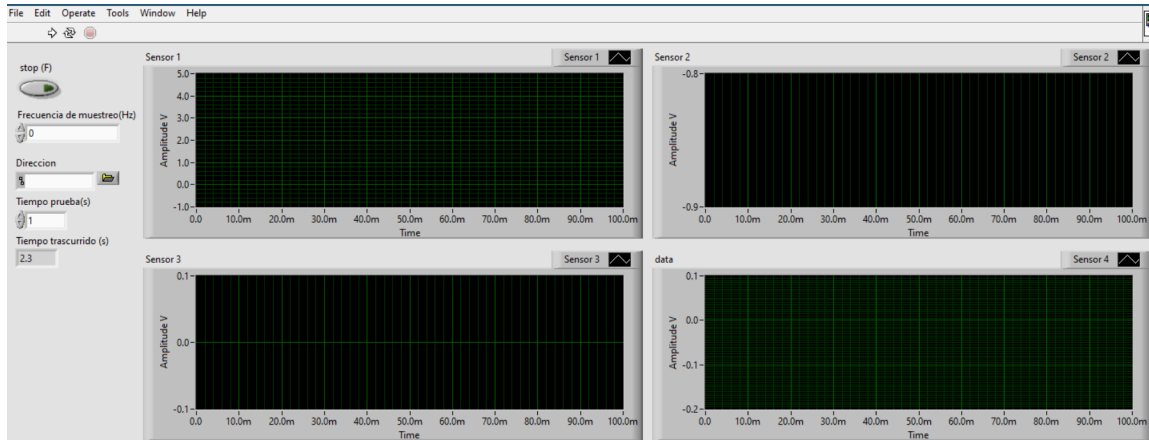


Figura 4.22: interfaz de usuario.

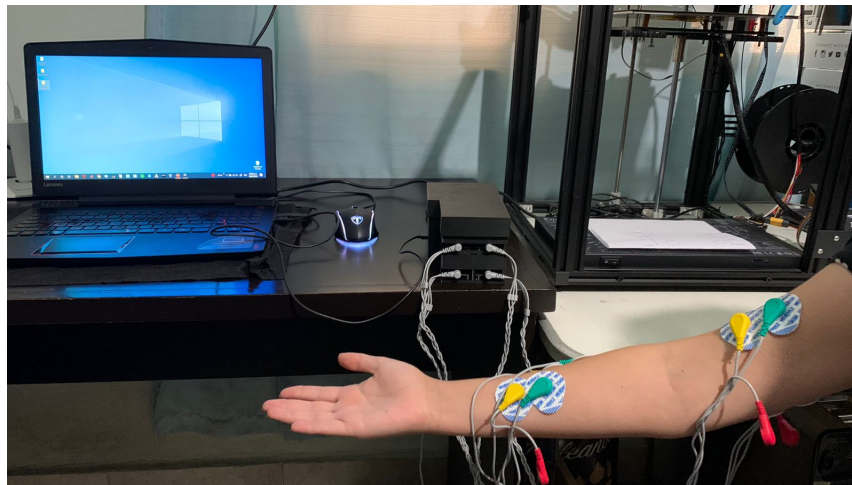


Figura 4.23: Colocación de los electrodos sobre la extremidad superior derecha.

4.2. Filtrado

En esta sección se describe el proceso de filtrado y segmentación de las bases de datos utilizadas en este trabajo, la primera de ellas siendo de la extremidad inferior derecha proporcionada por [6] y la segunda la base de datos de la extremidad superior derecha, desarrollada en este trabajo.

Como se mencionó anteriormente, la primera etapa tras adquirir las señales es filtrarlas, el filtrado se llevó a cabo mediante un filtro pasa banda Butterworth de cuarto orden con frecuencias de corte de 10 a 500 Hz , el resultado de las señales filtradas para la base de datos de la pierna derecha de la persona 1, prueba 1 y canal 1 se muestran en las Figuras 4.24, 4.25, 4.26, 4.27, 4.28, 4.29 y 4.30 para cada uno de los movimientos.

El procedimiento de filtrado se repitió para la segunda base de datos haciendo uso del filtro Butterworth de cuarto orden con frecuencias de corte de 10 a 500 Hz , el resultado de las señales

filtradas para la base de datos del brazo derecho se muestran en las Figuras 4.31, 4.32, 4.33, 4.34 y 4.35 para cada uno de los movimientos.

La base de datos de la extremidad inferior derecha no se tenía filtrado a analógico, esto se puede observar en la Figura 4.29 y 4.30, ya que la señal original se muestra saturada, sin embargo, tras la aplicación del filtro analógico se eliminan los componentes en frecuencia que saturaban el sistema de adquisición. Por otro lado, la base de datos de la extremidad superior derecha fue filtrada de forma analógica, por lo cual no se aprecian grandes diferencias entre las señales originales y las filtradas digitalmente. Esta observación podría indicar que un filtrado analógico adecuado permitiría eliminar la etapa de filtrado digital, lo que se traduce como un ahorro en el tiempo de procesamiento computacional.

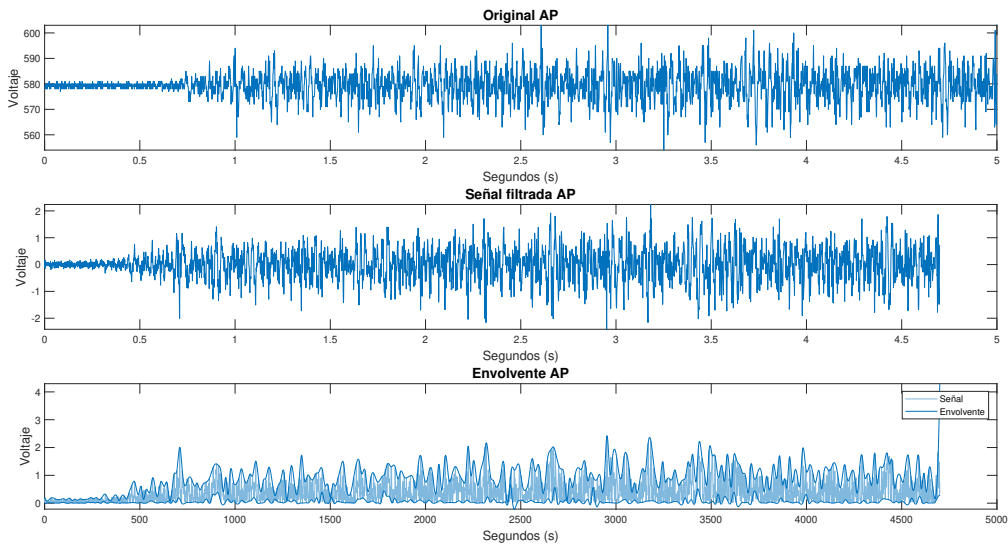


Figura 4.24: Señal original, filtrada y envolvente proveniente del canal 1, persona 1, prueba 1 para el movimiento de apoyar punta sin levantar el talón.

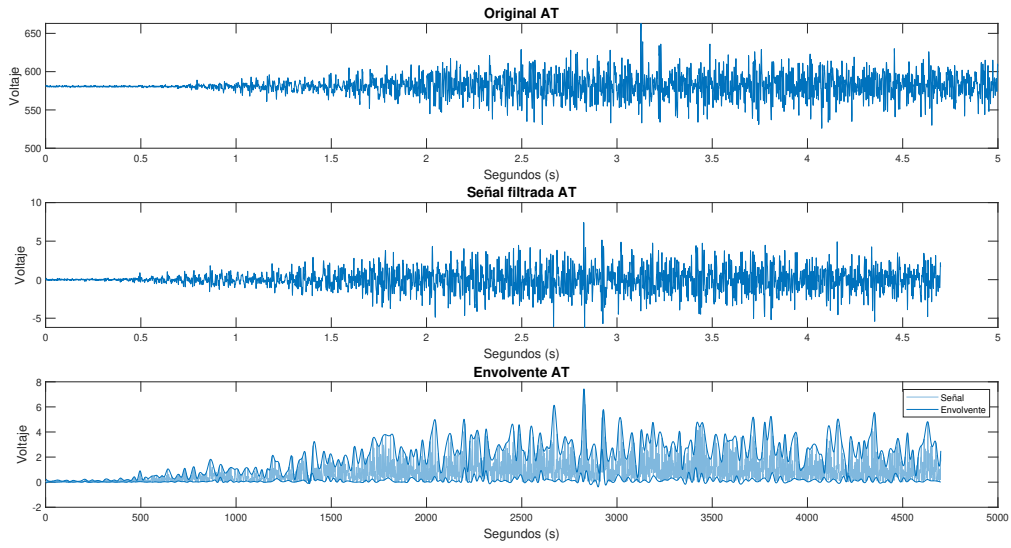


Figura 4.25: Señal original, filtrada y envolvente proveniente del canal 1, persona 1, prueba 1 para el movimiento de apoyar talón sin levantar punta.

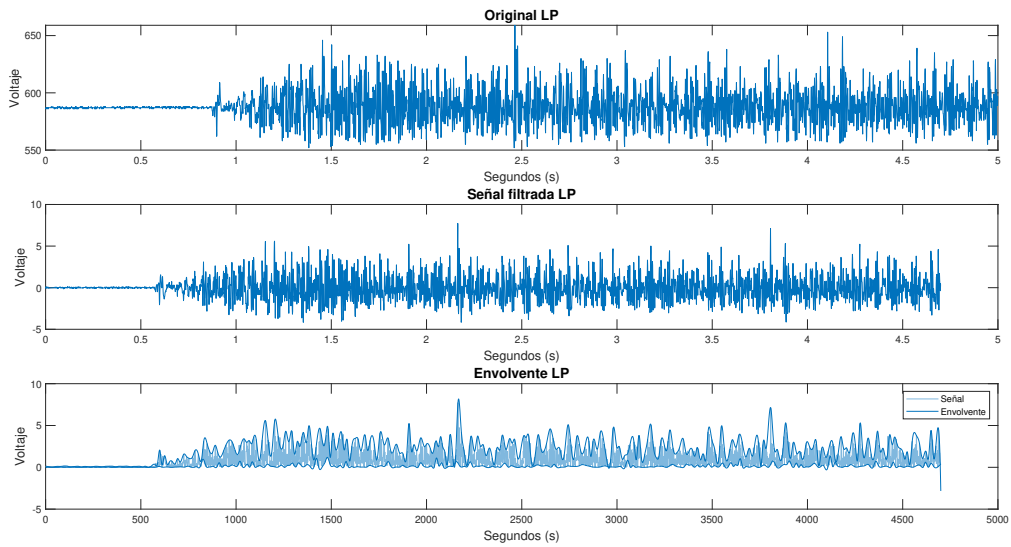


Figura 4.26: Señal original, filtrada y envolvente proveniente del canal 1, persona 1, prueba 1 para el movimiento de levantar punta del pie.

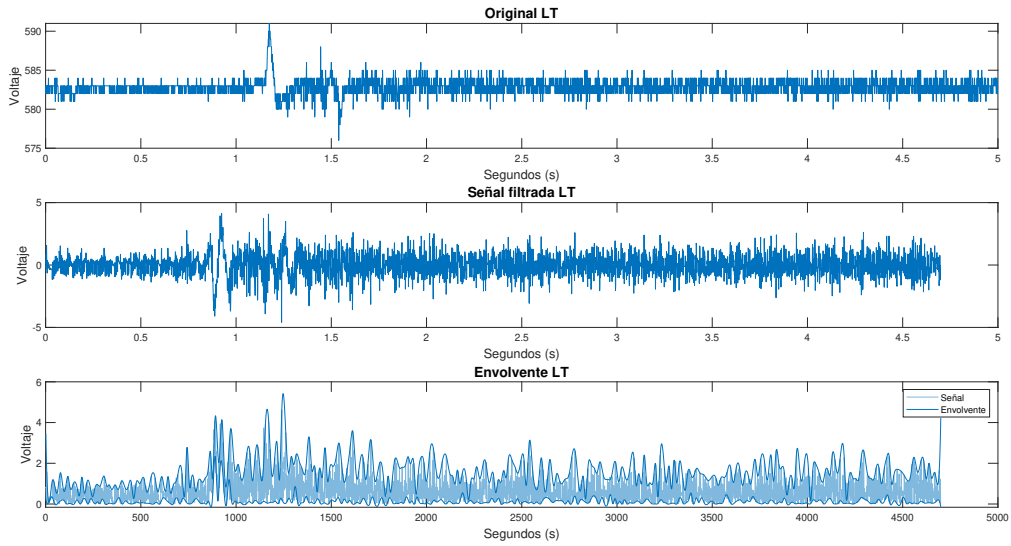


Figura 4.27: Señal original, filtrada y envolvente proveniente del canal 1, persona 1, prueba 1 para el movimiento de levantar el talón.

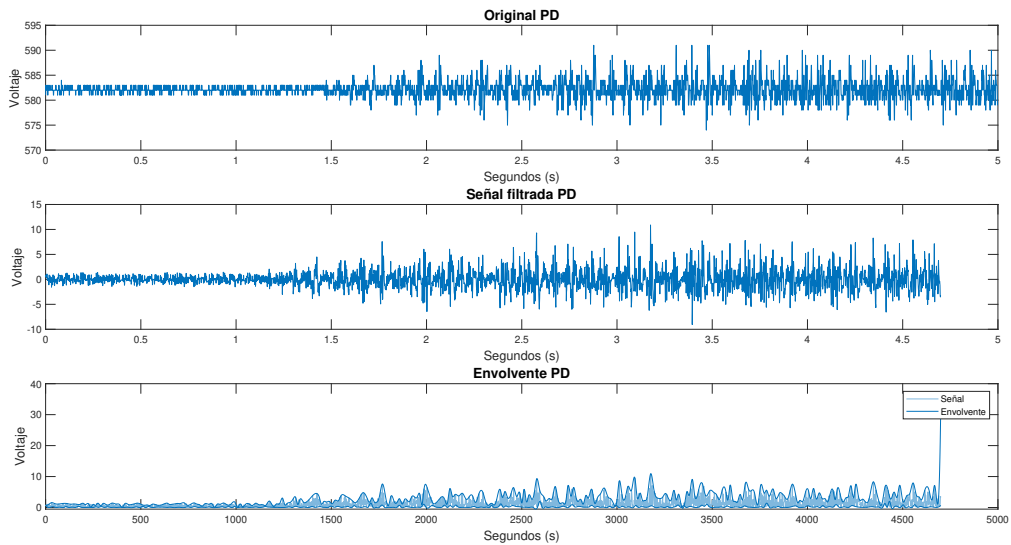


Figura 4.28: Señal original, filtrada y envolvente proveniente del canal 1, persona 1, prueba 1 para el movimiento de mover la punta del pie a la derecha.

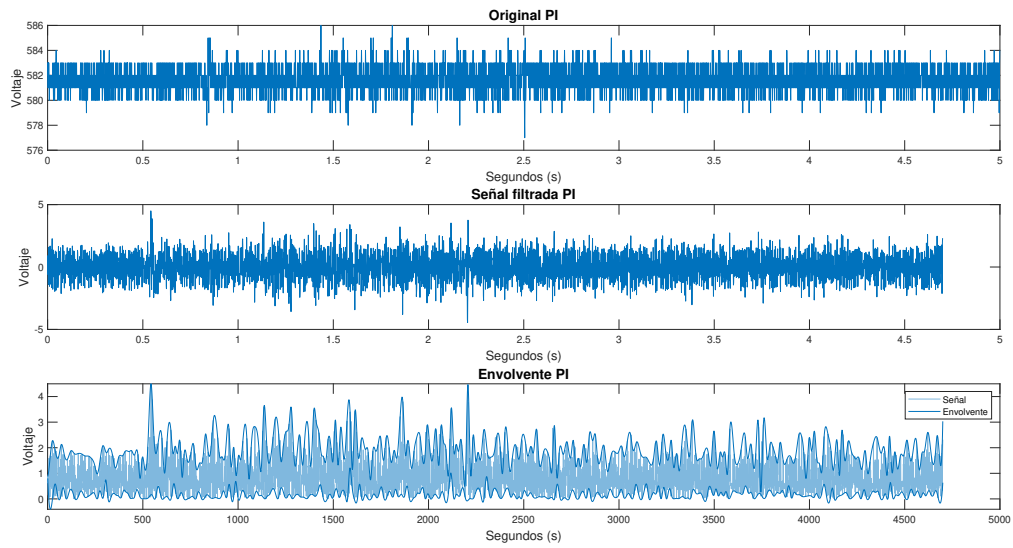


Figura 4.29: Señal original, filtrada y envolvente proveniente del canal 1, persona 1, prueba 1 para el movimiento de mover la punta del pie a la izquierda.

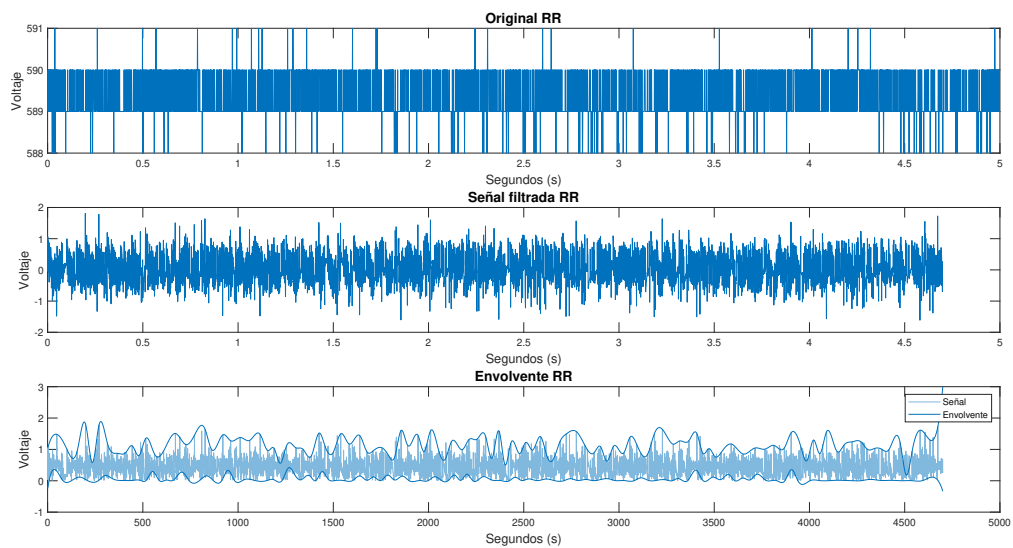


Figura 4.30: Señal original, filtrada y envolvente proveniente del canal 1, persona 1, prueba 1 para el movimiento de mover la punta del pie a la izquierda.

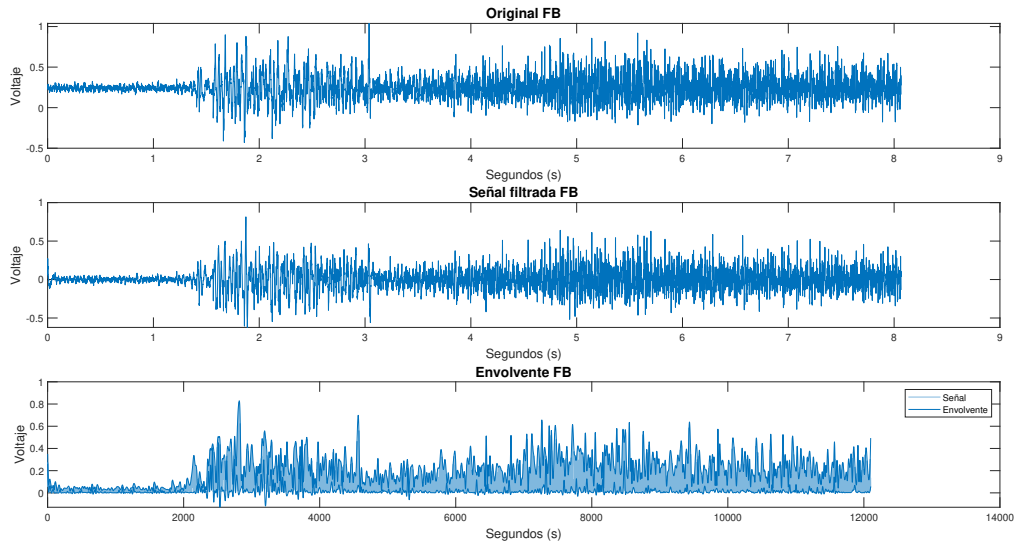


Figura 4.31: Señal original, filtrada y envolvente proveniente del canal 1, persona 1, prueba 1 para flexión del brazo.

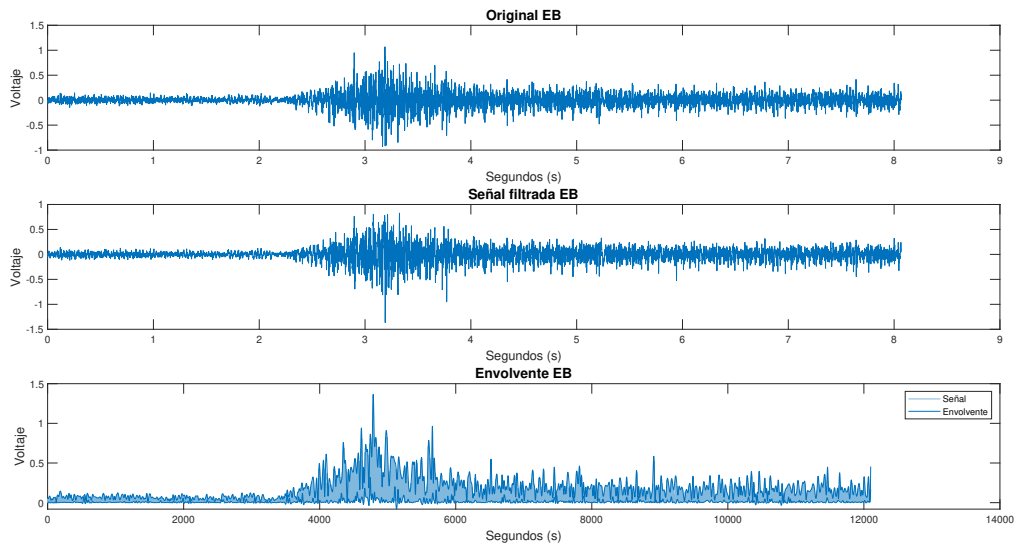


Figura 4.32: Señal original, filtrada y envolvente proveniente del canal 2, persona 1, prueba 1 para movimiento de extensión del brazo.

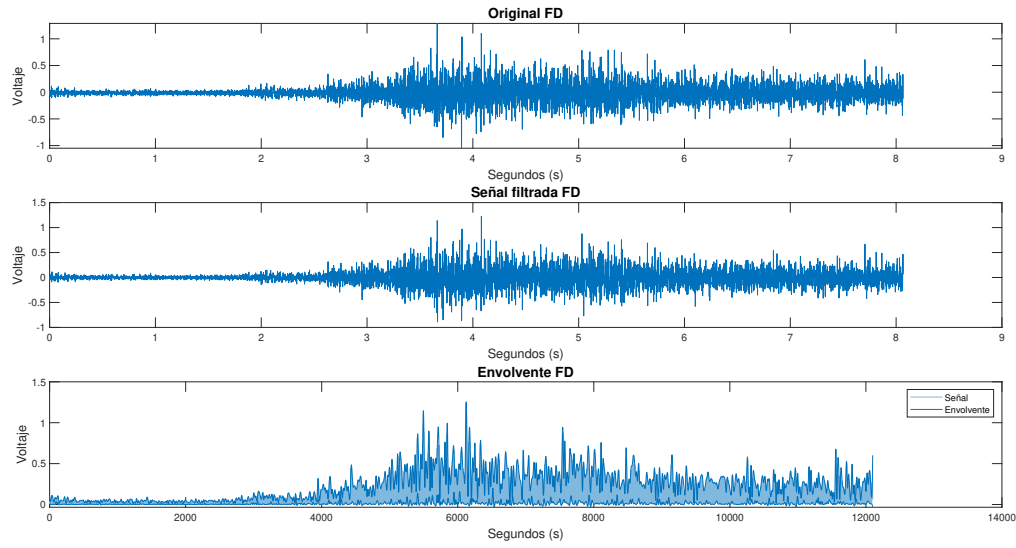


Figura 4.33: Señal original, filtrada y envolvente proveniente del canal 3, persona 1, prueba 2 para el movimiento de flexión de los dedos.

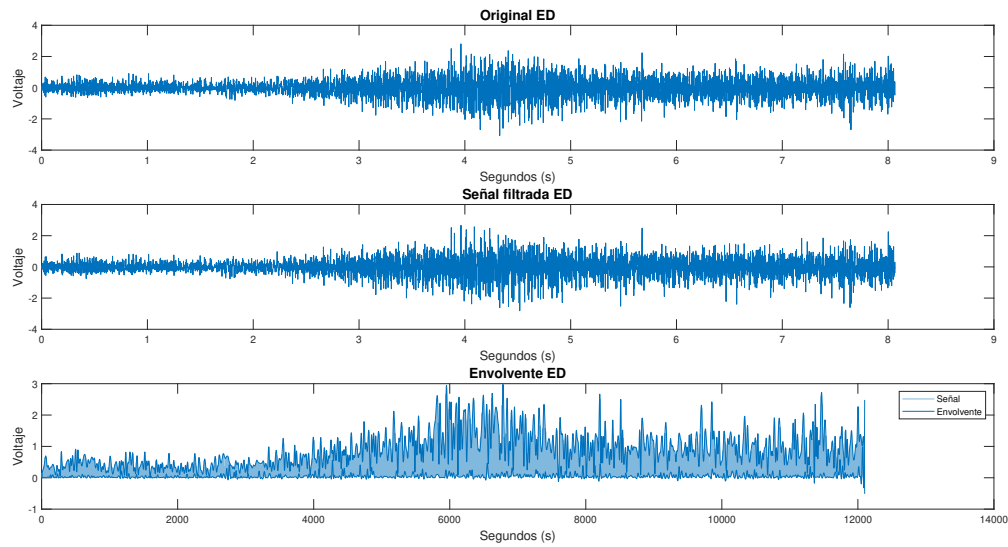


Figura 4.34: Señal original, filtrada y envolvente proveniente del canal 4, persona 1, prueba 2 para el movimiento de extensión de los dedos.

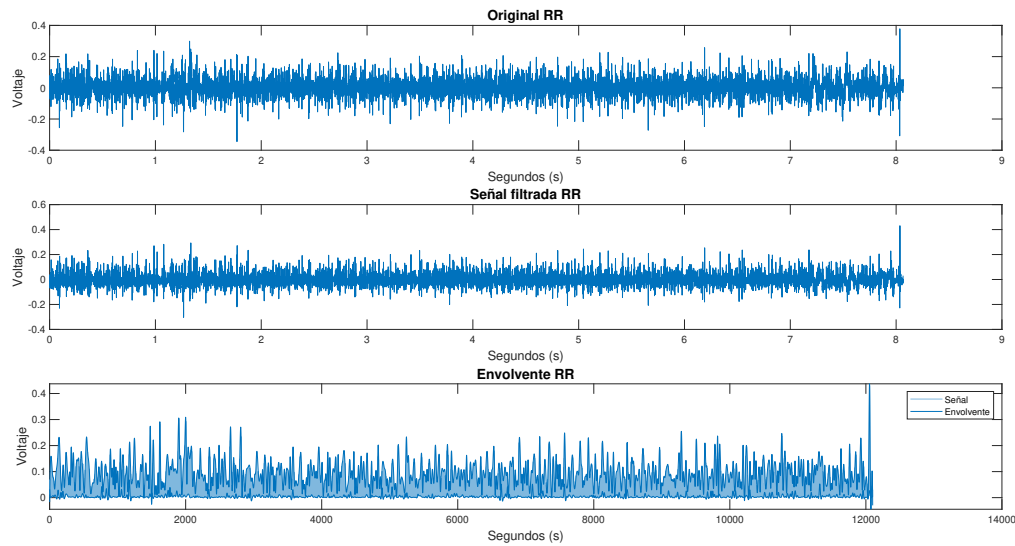


Figura 4.35: Señal original, filtrada y envolvente proveniente del canal 4, persona 1, prueba 1 para el estado de relajación.

La envolvente se utilizó como técnica de visualización ya que permite observar donde hay un aumento de voltaje debido a una contracción muscular.

4.3. Segmentación

Una vez que se finalizó la parte de filtrado se dividieron las señales en ventanas de 250 ms con una superposición de 190 ms , como resultado para cada ventana solo se deben adquirir 60 ms de datos nuevos, este tiempo debe corresponder al tiempo que tarda en clasificar el algoritmo, dando un total de 64 ventanas por señal para la base de datos correspondiente a la pierna derecha, por otro lado, se calcularon 147 ventanas para la base de datos del brazo derecho. En la Figura 4.36 se muestran las ventanas 40, 41, 42, 43, 44 de las 64 ventanas totales.

Para formar las ventas se aplicó el siguiente razonamiento: primero se forma una ventana inicial de 250 ms , para formar la segunda ventana se toman los datos del intervalo de tiempo de 60 ms a 250 ms , dicho intervalo se puede observar en la Figura 4.36 el cual se encuentra entre la línea roja hasta el final de la ventana uno. Este intervalo de tiempo forma los primeros 190 ms de la ventana, dos los cuales están marcados por la línea verde, a partir de esta línea se encuentran datos nuevos que corresponde a 60 ms . Para formar la ventana tres se usa los datos en el intervalo marcado por la línea roja de la ventana dos hasta el final de la señal (de 60 ms a 250 ms), siendo estos los primeros 190 ms de la ventana tres (línea verde), los 60 ms restantes se llenan con datos nuevos. Este proceso se repite hasta formar el total de las ventanas requeridas.

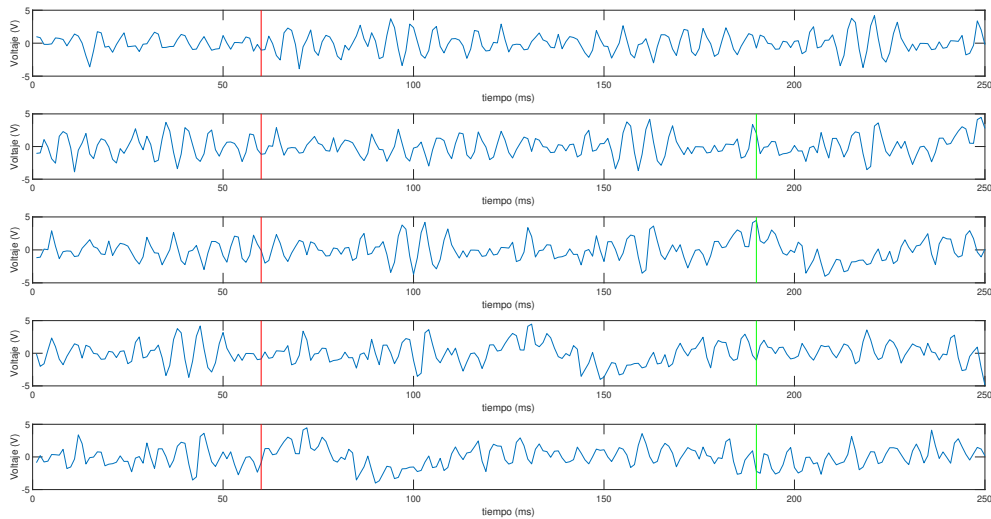


Figura 4.36: Ventanas 40, 41, 42, 43, 44 de la señal del canal 1 de la persona 1 de la repetición 1 de las señales EMG de la pierna derecha.

Se utilizaron ventanas sobrepuestas debido a que este método permite adquirir información mientras el algoritmo de clasificación está trabajando, lo que facilita la aplicación en tiempo real. Además, las ventanas superpuestas aumentan la frecuencia de las decisiones de clasificación porque las ventanas de análisis requieren una menor cantidad de datos para completar el tiempo total (250 ms). Si bien este trabajo se llevó a cabo fuera de línea, la idea principal es que en un trabajo futuro se utilice el algoritmo de clasificación en tiempo real, por lo cual la metodología presentada toma en cuenta detalles que permitan adquirir la información suficiente para una correcta clasificación. El tiempo de ventana y la superposición se seleccionaron acorde a la literatura [34, 18].

4.4. Extracción de características

Finalizada la segmentación de las ventanas, se extrajeron las características en tiempo que se describen en la sección de fundamentación teórica. Este proceso se realizó para cada uno de los 4 canales y para cada una de las 20 pruebas de cada base de datos.

Se aplicó ANOVA para ver la distribución de los datos, ya que para seleccionar los parámetros de clasificación mediante algoritmos genéticos es necesario entrenar múltiples veces la SVM para medir el porcentaje de error promedio de los espacios de características dados por GA, por lo que usar las señales segmentadas ralentizaría el proceso debido a la gran cantidad de datos que supone. Sin embargo, gracias a que la distribución de datos por ventana es similar a la distribución correspondiente a las señales sin segmentar debido a la aplicación de las ventanas superpuestas, es posible utilizar los datos sin el proceso de segmentación para la selección de parámetros de clasificación.

En la Figura 4.37 se observa la distribución correspondiente a la característica de la media del valor absoluto para la persona 2, canal 1 de la base de datos de la extremidad inferior derecha, que

al compararse con las Figuras 4.38, 4.39 y 4.40, que consideran la media del valor absoluto para la persona 2, canal 1, ventanas 20, 40 y 64, se puede apreciar que tienen la una distribución de datos similar. Lo mismo sucede con las Figuras 4.41, 4.42, 4.43 y 4.44. Este proceso de comparación de la distribución de los datos correspondientes a las ventanas 20, 40 y 64 contra los datos provenientes de las señales completas, se realizaron para los 26 predictores, de cada uno de los 4 canales correspondientes a las 8 personas. Se utilizaron las ventenas: 20, 40 y 64 debido a que se corresponden a las ventanas iniciales, intermedias y finales, lo que nos permite realizar una comparación que englobe distintos tiempos dentro de la señal adquirida.

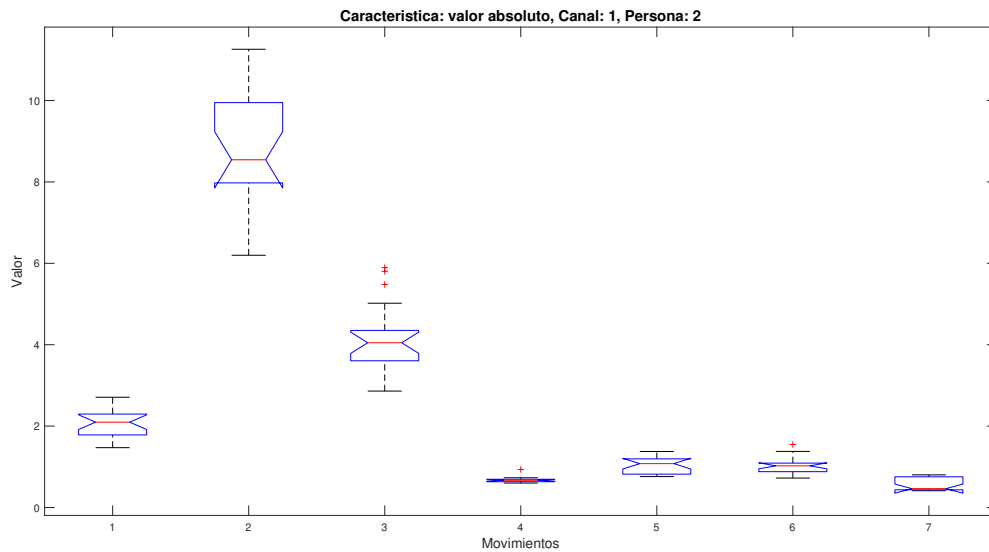


Figura 4.37: Gráfica de caja de la característica media del valor absoluto correspondiente a los siete movimientos del canal uno de la persona dos considerando la señal sin segmentar.

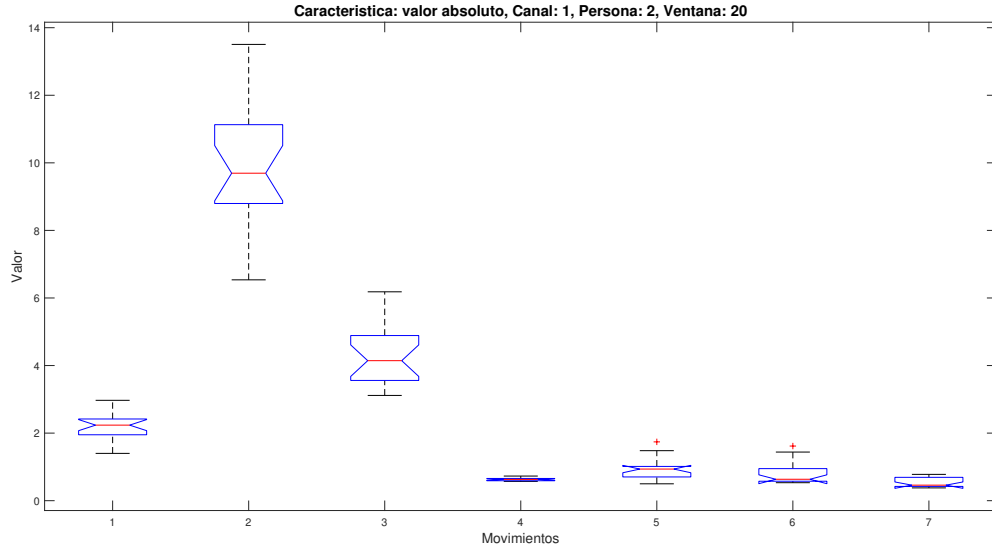


Figura 4.38: Gráfica de caja de la característica media del valor absoluto correspondiente a los siete movimientos del canal uno de la persona dos considerando la ventana 20.

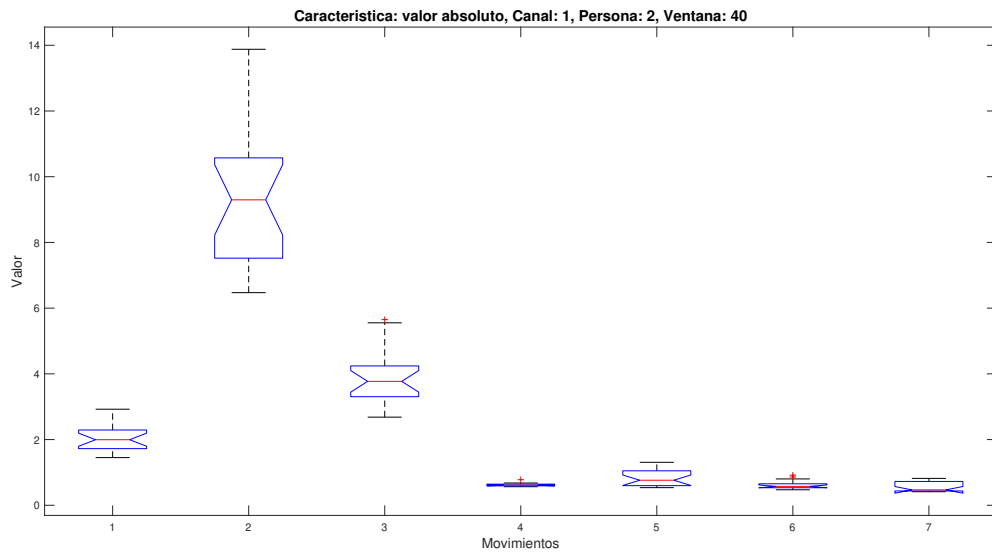


Figura 4.39: Gráfica de caja de la característica media del valor absoluto correspondiente a los siete movimientos del canal uno de la persona dos considerando la ventana 40.

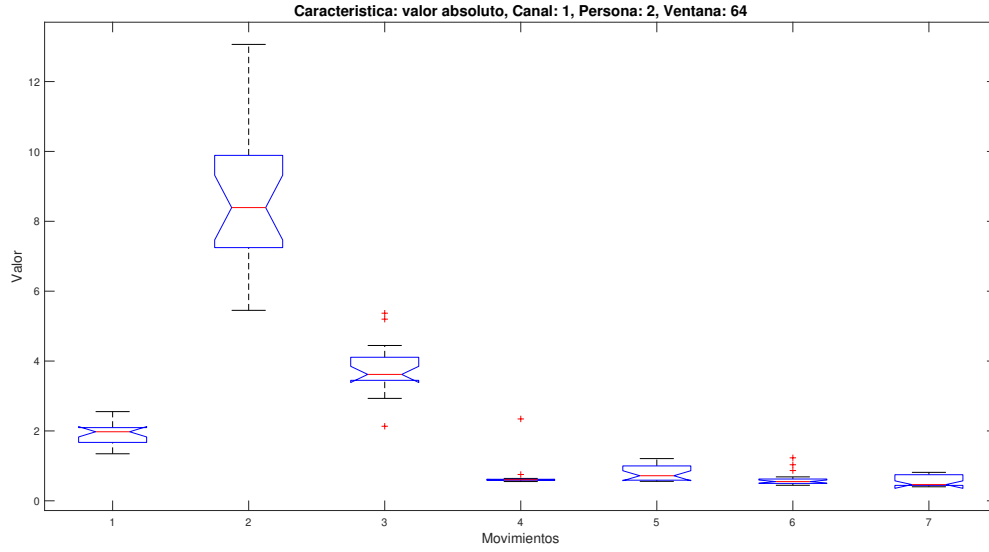


Figura 4.40: Gráfica de caja de la característica media del valor absoluto correspondiente a los siete movimientos del canal uno de la persona dos considerando la ventana 64.

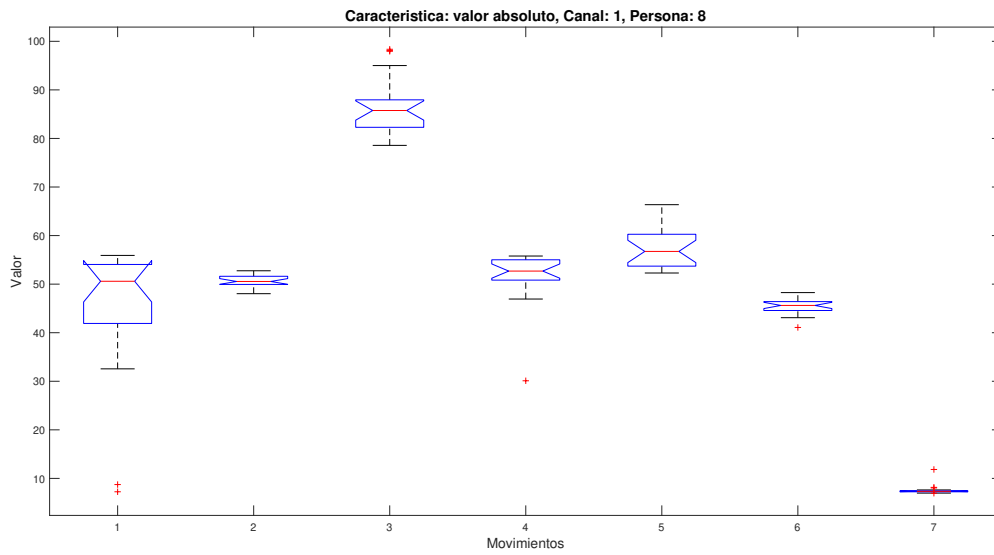


Figura 4.41: Gráfica de caja de la característica media del valor absoluto correspondiente a los siete movimientos del canal uno de la persona ocho considerando la señal sin segmentar.

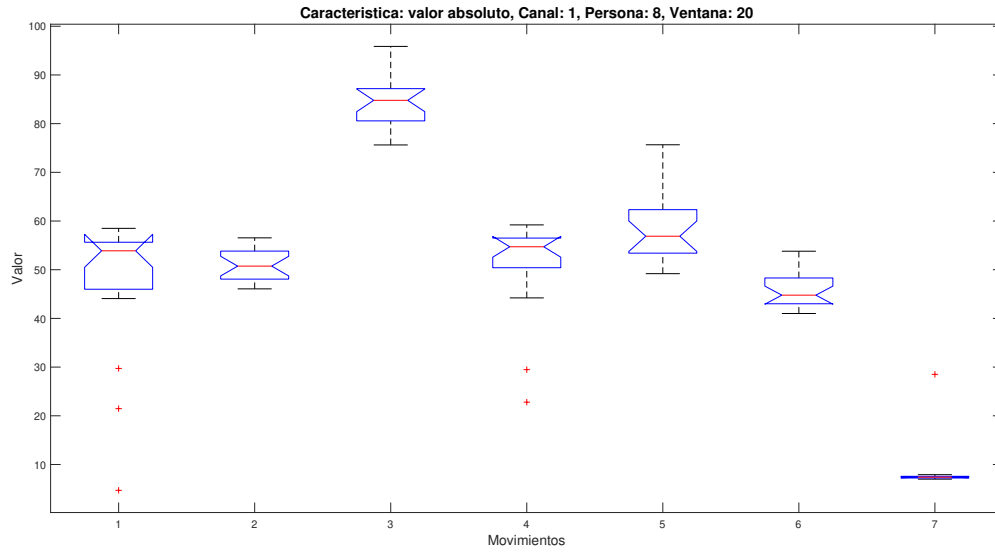


Figura 4.42: Gráfica de caja de la característica media del valor absoluto correspondiente a los siete movimientos del canal uno de la persona ocho considerando la ventana 20.

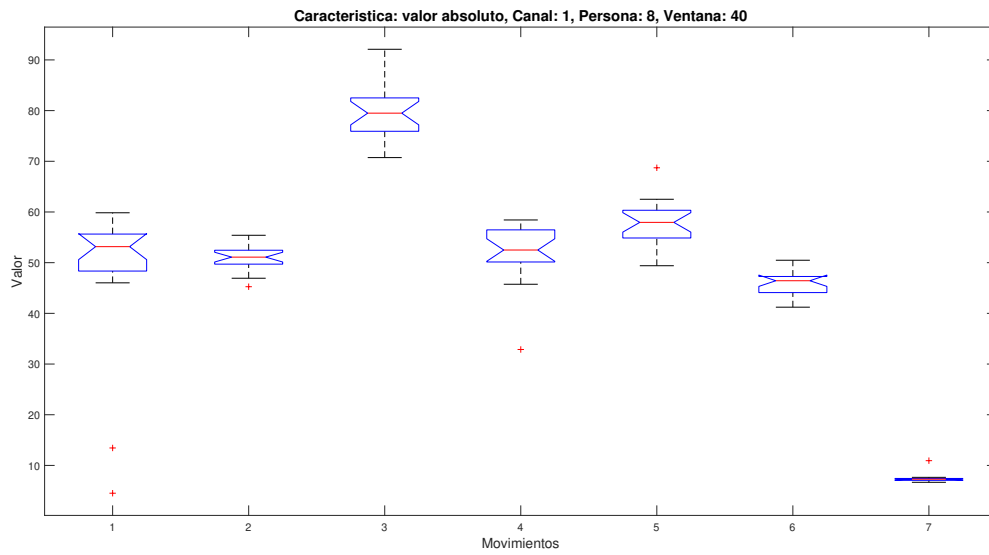


Figura 4.43: Gráfica de caja de la característica media del valor absoluto correspondiente a los siete movimientos del canal uno de la persona ocho considerando la ventana 40.

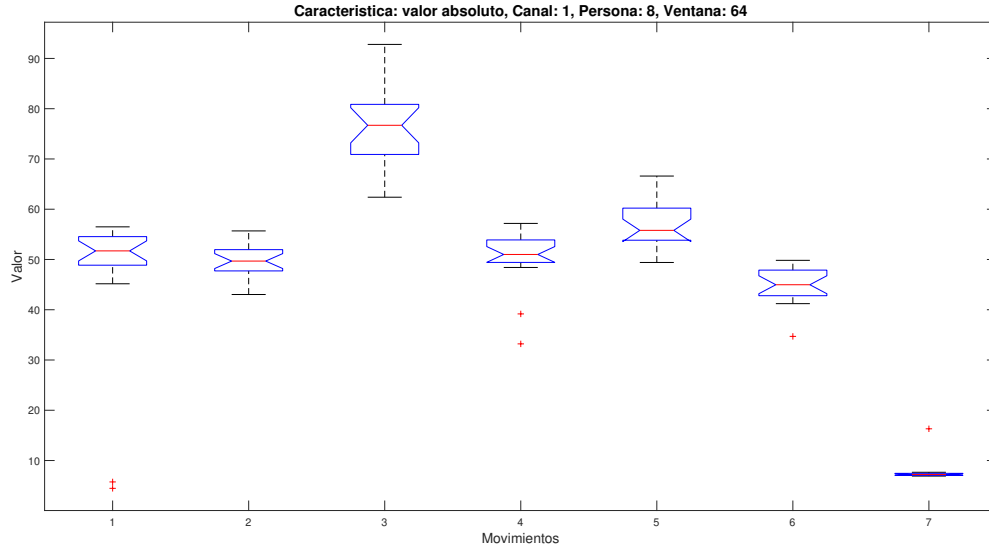


Figura 4.44: Gráfica de caja de la característica media del valor absoluto correspondiente a los siete movimientos del canal uno de la persona ocho considerando la ventana 64.

Finalizado el proceso de comparación de la distribución de los datos de cada uno de los predictores correspondientes a las ventanas contra las señales completas, se utilizó el valor p para verificar si existen diferencias estadísticamente significativas entre las medias de las clases, si el valor p de la prueba ANOVA era mayor al valor de significancia alfa ($\alpha = 0,05$), entonces las medias de los grupos eran iguales y se eliminaban.

Tras el análisis se eliminaron 24 características, correspondientes a 6 predictores, los cuales se muestran en el Cuadro 4.1. Dando como resultado dos matrices. La primera de ellas corresponde a las características de las señales sin segmentar, teniendo una dimensión 1120×80 , siendo las filas correspondientes a 8 personas \times 7 movimientos \times 20 repeticiones y las columnas 4 canales \times 24 características. La segunda matriz corresponde a las señales segmentadas, esta matriz tiene dimensiones de 71680×80 , las filas están formadas por 8 personas \times 7 movimientos \times 20 repeticiones \times 64 ventana, por otro lado, las columnas no sufrieron modificación.

Cuadro 4.1: Parámetros seleccionados eliminados por el método de ANOVA.

Número	Característica	Canal
1	Valor de amplitud promedio	Todos
2	Diferencia de desviación estándar absoluta	Todos
3	Fractales	Todos
4	Entropía	Todos
5	Amplitud de Willson	Todos
6	Tasa de porcentaje de miopulso	Todos

Por otro lado, no se aplicó ANOVA para la segunda base de datos para la eliminación de características, esto debido a que el proceso de eliminación mediante el valor de significancia α dado por ANOVA, es tardado porque se tienen que revisar cerca de 600 valores de p , bajo ese mismo enfoque se quería analizar el poder de los algoritmos genéticos para seleccionar características sin una previa revisión y eliminación de las mismas.

Finalmente, se obtuvieron dos matrices para la segunda base de datos. La primera de ellas corresponde a las características de las señales sin segmentar, teniendo una dimensión 800×104 , siendo las filas correspondientes a 8 personas \times 5 movimientos \times 20 repeticiones y las columnas 4 canales \times 26 predictores. La segunda matriz corresponde a las señales segmentadas, esta matriz tiene dimensiones de 117600×104 , las filas están formadas por 8 personas \times 5 movimientos \times 20 repeticiones \times 147 ventanas, por otro lado, las columnas no sufrieron modificación.

A pesar de que ANOVA es un método utilizado para la selección de características [53, 54, 41], presenta ciertas desventajas, pues el análisis de ANOVA únicamente nos permite observar si existe diferencia estadística entre las clases más no hace referencia en el aporte a la clasificación, pues bien, una característica que presenta diferencia estadística entre las distintas clases podría no presentar un aporte individual a la clasificación o de la misma manera podría no representar un aporte en conjunto con los demás parámetros de clasificación [55], por lo que solo aumentaría la complejidad del sistema si dar una ventaja significativa contra otros espacios de características.

En este sentido, los algoritmos genéticos permite validar el aporte en conjunto de los diferentes parámetros de clasificación, pues al basarse un método de análisis convencional y estadístico, las características que entorpezcan el proceso de clasificación tendrán más posibilidad de ser eliminadas, mientras que las que favorezcan una mayor clasificación podrán ser elegidas dentro del espacio de parámetros final.

4.5. Selección de características

Esta subsección se compone de dos etapas, la primera de ellas correspondiente al análisis sobre la base de datos de la pierna derecha, mientras la etapa dos consta de la aplicación del algoritmo desarrollado sobre la base de datos de la extremidad superior derecha.

4.5.1. Selección de características para la base de datos de la extremidad inferior derecha

Para iniciar esta etapa se definieron los siguientes parámetros de experimentación que se muestran en los Cuadros 4.2, 4.3, 4.4 y 4.5, en donde se modificó el kernel, el número de iteraciones, el porcentaje de mutación y el número de vectores iniciales para conocer el aporte o importancia de cada uno de las variables mencionadas, para esta primera fase se utilizó la base de datos correspondientes a la pierna derecha.

Cuadro 4.2: Parámetros iniciales utilizados para los algoritmos genéticos para los experimentos 1 (kernel gaussiano) y 2 (kernel lineal).

Nombre	Valor
Número de genes	80
Número inicial de padres	100
Porcentaje de mutación	2 %
Operador de selección	Rueda de ruleta
Operador de cruce	Dos puntos
Operador de mutación	Mutación uniforme
Iteraciones Máximas	100
SVM	Gaussiana
SVM	Lineal

Cuadro 4.3: Parámetros iniciales utilizados para los algoritmos genéticos para los experimentos 3 (kernel gaussiano) y 4 (kernel lineal).

Nombre	Valor
Número de genes	80
Número inicial de padres	100
Porcentaje de mutación	2 %
Operador de selección	Rueda de ruleta
Operador de cruce	Dos puntos
Operador de mutación	Mutación uniforme
Iteraciones Máximas	200
SVM	Gaussiana
SVM	Lineal

Cuadro 4.4: Parámetros iniciales utilizados para los algoritmos genéticos para los experimentos 5 (kernel gaussiano) y 6 (kernel lineal).

Nombre	Valor
Número de genes	80
Número inicial de padres	200
Porcentaje de mutación	2 %
Operador de selección	Rueda de ruleta
Operador de cruce	Dos puntos
Operador de mutación	Mutación uniforme
Iteraciones Máximas	100
SVM	Gaussiana
SVM	Lineal

Cuadro 4.5: Parámetros iniciales utilizados para los algoritmos genéticos para los experimentos 7 (kernel gaussiano) y 8 (kernel lineal).

Nombre	Valor
Número de genes	80
Número inicial de padres	100
Porcentaje de mutación	8 %
Operador de selección	Rueda de ruleta
Operador de cruce	Dos puntos
Operador de mutación	Mutación uniforme
Iteraciones Máximas	100
SVM	Gaussiana
SVM	Lineal

En las Figuras 4.45 y 4.46 se muestra las gráficas que relaciona el resultado de la función de costo del algoritmo genético $\left(\frac{\%Clasificación}{100}\right)$ y el número de iteraciones en que se obtuvo para cada una de las configuraciones de los Cuadros 4.2, 4.3, 4.4 y 4.5. Se puede observar que al inicio se tiene un error promedio de clasificación dado por **la validación cruzada** cercano al 14 % haciendo uso del kernel gaussiano y al llegar a la iteración final se tiene un error promedio dado por **la validación cruzada** próximo al 5 %. Por otro lado, al usar el kernel lineal se tiene un error promedio inicial de clasificación del cercano al 12 % y un error promedio final del 8 %.

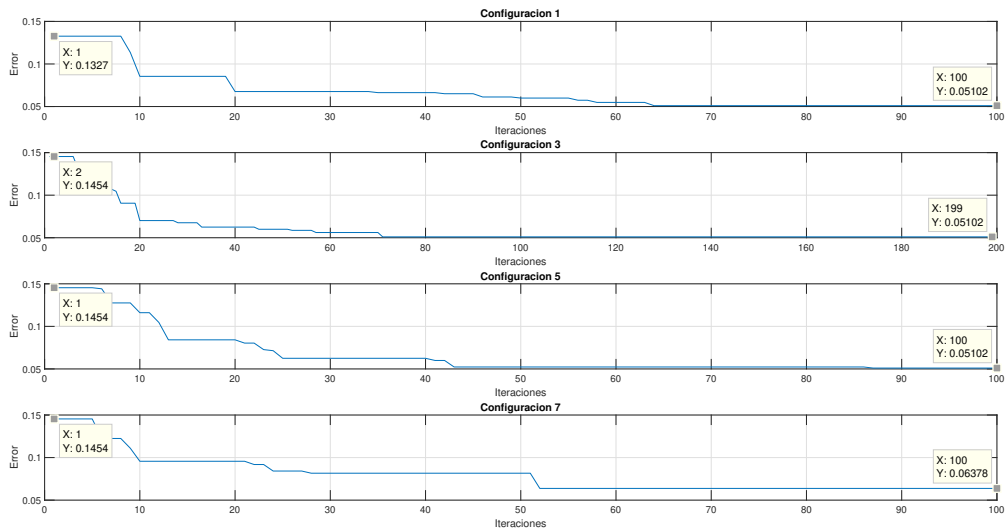


Figura 4.45: Gráfico del porcentaje de clasificación en función del número de iteraciones para el kernel gaussiano.

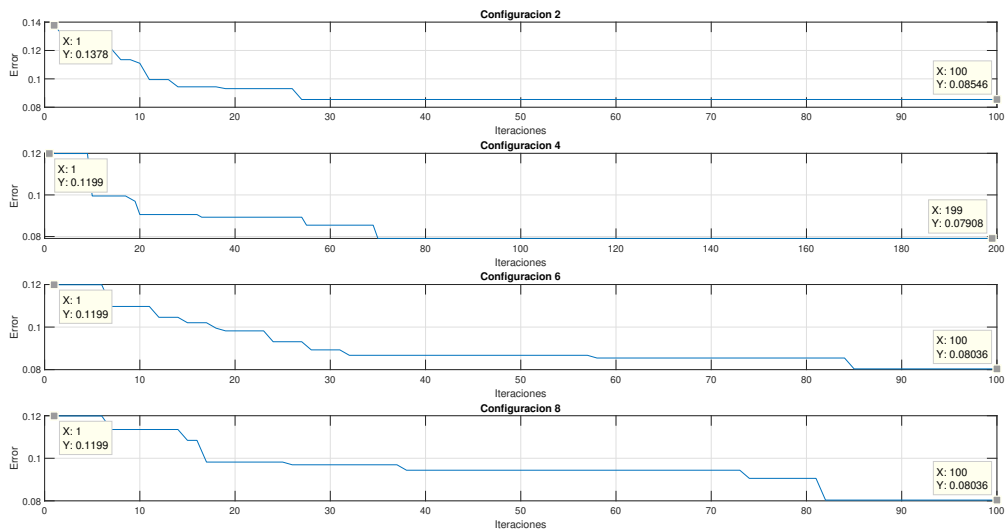


Figura 4.46: Gráfico del porcentaje de clasificación en función del número de iteraciones para el kernel lineal.

En los Cuadros 4.6, 4.7, 4.8 y 4.9 se pueden ver las características seleccionadas por el algoritmo para cada una de las configuraciones usando un kernel gaussiano. Como se observa al compararlas existen características que aparecen en cada una de las configuraciones, las cuales son: LOG, STD, MAV, ZC, MMAV2, SSI y SSC. Por otro lado, se tienen características que aparecen en más de una

configuración, pero para distinto canal como Y5 y VAR. Finalmente se tiene las características que aparecen en tres configuraciones, estas pueden estar presentes en los mismos canales o en canales distintos como RSM. Los resultados sugieren que las características que aparecen en todas las configuraciones son relevantes para la clasificación. Por otro lado, las características que aparecen en tres configuraciones de acuerdo al canal podrían mejorar su aporte en función de la sinergia con los demás predictores que forman el espacio de características. Finalmente, las características que solo aparecen en más de una configuración, pero para distinto canal, podrían no tener un aporte a la clasificación y debido a la naturaleza estadística del algoritmo genético pudieron haber llegado al espacio de características final.

De igual forma, en los Cuadros 4.10, 4.11, 4.12 y 4.13 se pueden observar las características seleccionadas por el algoritmo para cada una de las configuraciones usando un kernel lineal. Similar a los resultados con el kernel gaussiano, existen características que están presentes en las cuatro configuraciones: LOG, AC, IEMG, K, MAD, MAV, MMAV1, MMAV2, RMS, SK, SSC, SSI, STD, VAR, WL, Y3, Y4 y ZC. Sin embargo, en esta ocasión el canal del que se calcula la característica tiene una mayor variación, lo que indica que el aporte del predictor varía acorde al espacio de características global. Esto se puede observar para el predictor IEMG, en el cual se utiliza únicamente para el canal 4 para la configuración 2, por otro lado, para la configuración 4 se usa el canal 2 y 4, mientras que para la configuración 6 se usan todos los canales, finalmente para la configuración 8 se usan los canales 1 y 3.

Cuadro 4.6: Características seleccionadas mediante la configuración 1 haciendo uso de kernel gaussiano.

Número	Abreviación	Nombre	Cantidad	Canales
1	LOG	LOG- Detector	3	1, 2 y 4
2	MAV	Valor absoluto medio	2	1 y 4
3	SSI	Integral cuadrada simple	1	1
4	ZC	Cruce por cero	4	Todos
5	AAC	Cambio de amplitud promedio	2	2 y 3
6	MMAV2	Valor absoluto medio modificado tipo 2	3	2, 3 y 4
7	SSC	Cambio de pendiente	1	2
8	STD	Desviación estándar	3	2, 3 y 4
9	VAR	Varianza	1	3
10	RSM	Valor cuadrático medio	1	4
11	Y3	Valor absoluto del tercer momento	1	3
12	Y4	Valor absoluto del cuarto momento	1	4

Cuadro 4.7: Características seleccionadas mediante la configuración 3 haciendo uso de kernel gaussiano.

Número	Acrónimo	Nombre	Cantidad	Canal
1	IEMG	EMG integrado	3	1, 2 y 3
2	LOG	LOG-detector	4	Todos
3	MMAV2	Valor absoluto medio modificado tipo 2	2	1 y 3
4	STD	Desviacion estandar	3	1, 2 y 4

5	ZC	Cruce por cero	4	Todos
6	MAV	Valor absoluto medio	2	2 y 4
7	SSC	Cambio de pendiente	1	2
8	WL	Forma de onda	2	2 y 4
9	K	Kurtosis	1	2
10	MAD	Desviación absoluta media	1	2
11	Y3	Valor absoluto del tercer momento	1	3
12	MMAV1	Valor absoluto medio modificado tipo 1	1	4
13	SSI	Integral cuadrada simple	1	4
14	Y4	Valor absoluto del cuarto momento	1	4

Cuadro 4.8: Características seleccionadas mediante la configuración 5 haciendo uso de kernel gaussiano.

Número	Acrónimo	Nombre	Cantidad	Canal
1	IEMG	EMG integrado	3	1, 2 y 3
2	LOG	LOG-detector	4	Todos
3	MAV	Valor absoluto medio	1	1
4	ZC	Cruce por cero	4	Todos
5	MMAV1	Valor absoluto medio modificado tipo 1	1	2
6	MMAV2	Valor absoluto medio modificado tipo 2	1	2
7	SSC	Cambio de pendiente	1	2
8	STD	Desviación estándar	1	2
9	K	Kurtosis	1	2
10	Y5	Valor absoluto del quinto momento	1	2
11	Y3	Valor absoluto del tercer momento	1	3
12	AAC	Cambio de amplitud promedio	1	4
13	RSM	Valor cuadrático medio	1	4
14	SSI	Integral cuadrada simple	1	4

Cuadro 4.9: Características seleccionadas mediante la configuración 7 haciendo uso de kernel gaussiano.

Número	Acrónimo	Nombre	Cantidad	Canal
1	AAC	Cambio de amplitud promedio	2	1 y 4
3	MMAV2	Valor absoluto medio modificado tipo 2	3	1, 3 y 4
4	STD	Desviación estándar	3	1, 2 y 3
5	VAR	Varianza	2	1 y 2
6	WL	Forma de onda	2	1 y 2
7	ZC	Cruce por cero	4	Todos
8	LOG	LOG-detector	3	2, 3 y 4
9	RSM	Valor cuadrático medio	1	2
10	SSC	Cambio de pendiente	1	2

11	SSI	Integral cuadrada simple	2	2 y 4
12	K	Kurtosis	1	2
13	Y4	Valor absoluto del cuarto momento	1	3
14	IEMG	EMG integrado	1	4
15	MAV	Valor absoluto medio	1	4
16	MAD	Desviación absoluta media	1	4
17	Y5	Valor absoluto del quinto momento	1	4

Cuadro 4.10: Características seleccionadas mediante la configuración 2 haciendo uso de kernel lineal.

Número	Acrónimo	Nombre	Cantidad	Canal
1	AAC	Cambio de amplitud promedio	3	1, 2 y 3
2	LOG	LOG-detector	4	Todos
3	MMAV1	Valor absoluto medio modificado tipo 1	3	1, 2 y 4
4	STD	Desviación estándar	1	1
5	WL	Longitud de onda	4	Todos
6	K	Kurtosis	4	Todos
7	SK	Oblicuidad	3	1, 2 y 3
8	MAD	Desviación absoluta media	4	Todos
9	Y3	Valor absoluto del tercer momento	2	1 y 4
10	Y4	Valor absoluto del cuarto momento	3	1, 2 y 4
11	Y5	Valor absoluto del quinto momento	1	1
12	MAV	Valor absoluto medio	3	2, 3 y 4
13	MMAV2	Valor absoluto medio modificado tipo 2	3	2, 3 y 4
14	SSC	Cambios de pendiente	1	2
15	VAR	Varianza	2	2 y 4
16	ZC	Cruces por cero	3	2, 3 y 4
17	SSI	Integral cuadrada simple	2	3 y 4
18	IEMG	EMG integrado	1	4
19	RSM	Valor cuadrático medio	1	4

Cuadro 4.11: Características seleccionadas mediante la configuración 4 haciendo uso de kernel lineal.

Número	Acrónimo	Nombre	Cantidad	Canal
1	AAC	Cambio de amplitud promedio	2	1 y 4
2	LOG	LOG-detector	4	Todos
3	MAV	Valor absoluto medio	4	Todos
4	MMAV1	Valor absoluto medio modificado tipo 1	4	Todos
5	MMAV2	Valor absoluto medio modificado tipo 2	2	1 y 4
6	RSM	Valor cuadrático medio	4	Todos
7	SSI	Integral cuadrada simple	4	Todos

8	STD	Desviación estándar	4	Todos
9	K	Kurtosis	4	Todos
10	SK	Oblicuidad	4	Todos
11	Y3	Valor absoluto del tercer momento	4	Todos
12	Y4	Valor absoluto del cuarto momento	2	1 y 4
13	IEMG	EMG integrado	2	2 y 4
14	SSC	Cambios de pendiente	1	2
15	WL	Longitud de onda	3	2, 3 y 4
16	ZC	Cruces por cero	3	2, 3 y 4
17	MAD	Desviación absoluta media	1	2
18	Y5	Valor absoluto del quinto momento	2	2 y 3
19	VAR	Varianza	2	3 y 4

Cuadro 4.12: Características seleccionadas mediante la configuración 6 haciendo uso de kernel lineal.

Número	Acrónimo	Nombre	Cantidad	Canal
1	AAC	Cambio de amplitud promedio	3	1, 3 y 4
2	IEMG	EMG integrado	4	Todos
3	LOG	LOG-detector	4	Todos
4	MMAV1	Valor absoluto medio modificado tipo 1	4	Todos
5	MMAV2	Valor absoluto medio modificado tipo 1	4	Todos
6	SSI	Integral cuadrada simple	3	1, 2 y 3
7	STD	Desviación estándar	3	1, 3 y 4
8	VAR	Varianza	3	1, 2 y 4
9	ZC	Cruces por cero	4	Todos
10	K	Kurtosis	3	1, 2 y 3
11	MAD	Desviación absoluta media	2	1 y 4
12	Y3	Valor absoluto del tercer momento	3	1, 3 y 4
13	Y4	Valor absoluto del cuarto momento	4	Todos
14	SSC	Cambios de pendiente	1	2
15	WL	Longitud de onda	2	2 y 3
16	SK	Oblicuidad	2	2 y 3
17	MAV	Valor absoluto medio	1	3
18	RSM	Valor cuadrático medio	2	3 y 4

Cuadro 4.13: Características seleccionadas mediante la configuración 8 haciendo uso de kernel lineal.

Número	Acrónimo	Nombre	Cantidad	Canal
1	AAC	Cambio de amplitud promedio	2	1 y 4

2	IEMG	EMG integrado	2	1 y 3
3	LOG	LOG-detector	4	Todos
4	MAV	Valor absoluto medio	2	1 y 2
5	MMAV1	Valor absoluto medio modificado tipo 1	3	1, 2 y 4
6	RSM	Valor cuadrático medio	3	1, 3 y 4
7	STD	Desviación estándar	4	Todos
8	VAR	Varianza	3	1, 3 y 4
9	WL	Longitud de onda	4	Todos
10	K	Kurtosis	3	1, 2 y 3
11	MAD	Desviación absoluta media	2	1 y 4
12	Y3	Valor absoluto del tercer momento	4	Todos
13	Y4	Valor absoluto del cuarto momento	3	1, 3 y 4
14	MMAV2	Valor absoluto medio modificado tipo 1	2	2 y 3
15	SSC	Cambios de pendiente	1	2
16	SSI	Integral cuadrada simple	3	2, 3 y 4
17	ZC	Cruces por cero	3	2, 3 y 4
18	SK	Oblicuidad	2	2 y 3
19	Y5	Valor absoluto del quinto momento	1	3
20	MAVSLP	Pendiente del valor absoluto medio	1	4

En la Figura 4.47 se muestra el número final de características en cada una de las configuraciones. Por otro lado, en la Figura 4.48 se puede observar el porcentaje correspondiente a la reducción de características debido al proceso de selección. Es importante considerar que al usar el kernel gaussiano es posible llegar a un error promedio final similar que al usar el kernel lineal, esto se puede observar en las Figuras 4.45 y 4.46, sin embargo, la cantidad de características necesarias para llegar a un porcentaje de clasificación similar es mayor al usar el kernel lineal como se observa en la Figura 4.47, lo que indica un algoritmo de clasificación menos complejo al usar el kernel gaussiano.

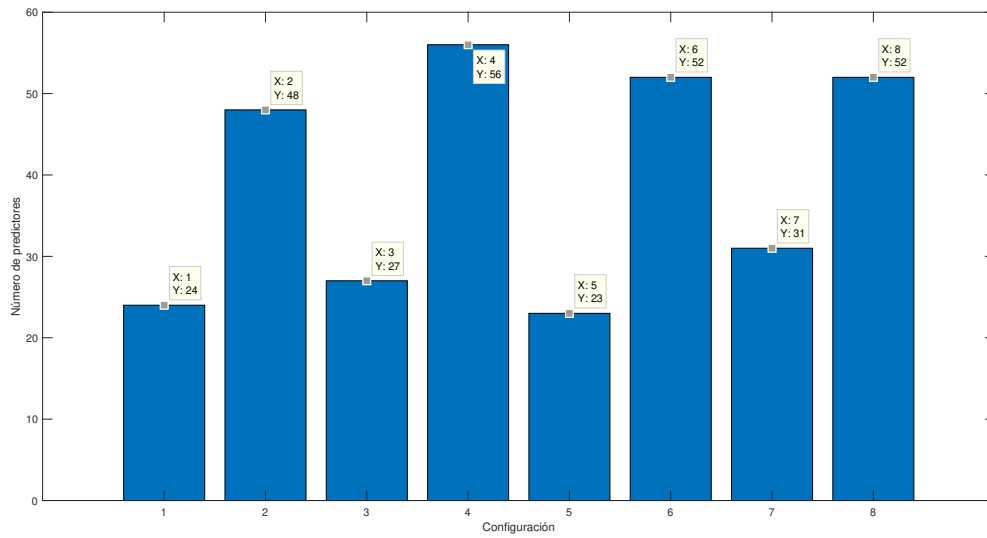


Figura 4.47: Total de características seleccionadas por cada una de las configuraciones para algoritmos genéticos.

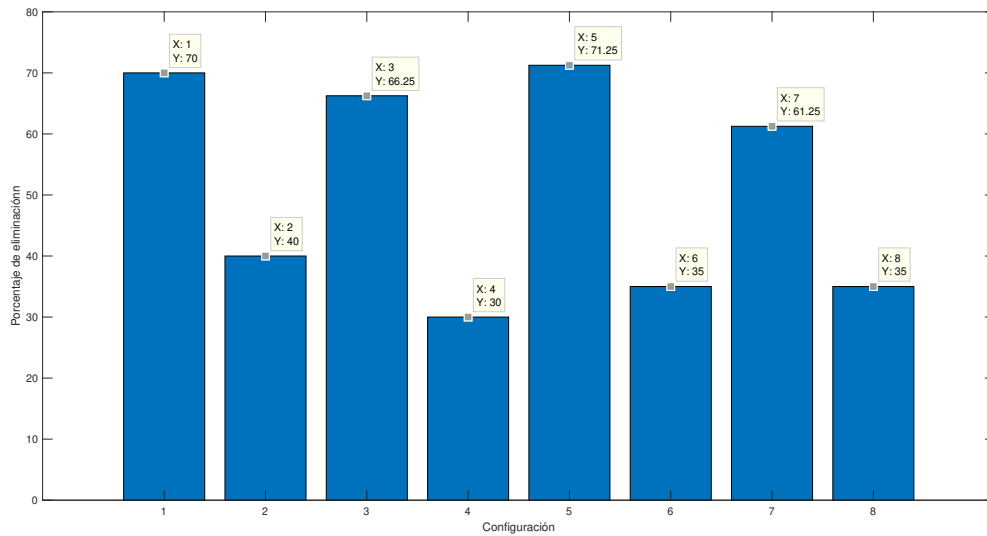


Figura 4.48: Porcentajes de reducción de características de cada configuración del proceso de selección.

Una vez calculado el espacio de características que proporciona el menor error promedio de clasificación haciendo uso del 70% de las señales, se utilizó el 30% de los datos restantes para la validación, en la Figura 4.49 se muestran los resultados del error promedio del entrenamiento contra el error promedio en la validación para cada una de las configuraciones en las que se usó kernel

gaussiano. Por otro lado, en la Figura 4.50 se muestran los resultados para el kernel lineal.

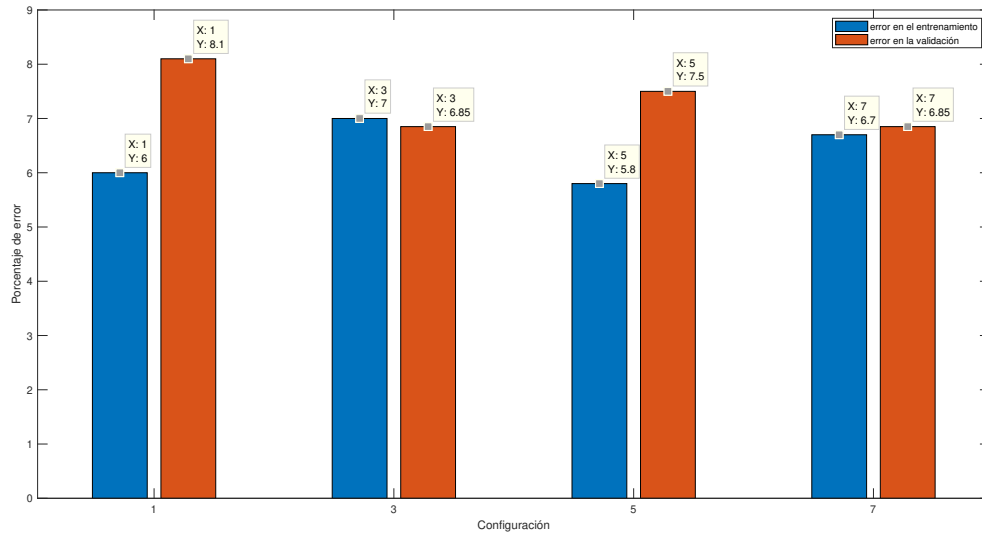


Figura 4.49: Resultados del porcentaje de error promedio para el entrenamiento y validación del SVM final con un Kernel gaussiano.

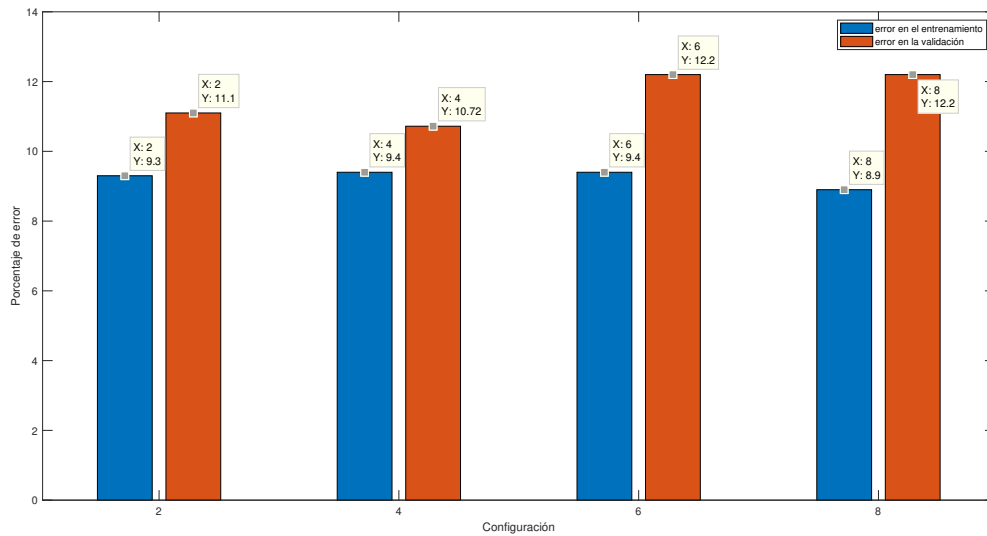


Figura 4.50: Resultados del porcentaje de error promedio para el entrenamiento y validación del SVM final con un Kernel lineal.

Al comparar las distintas configuraciones, nos podemos dar cuenta que el kernel gaussiano es capaz de clasificar los datos de forma similar al kernel lineal, pero haciendo uso de un menor

número de características, por lo tanto, se decidió hacer uso del kernel gaussiano para clasificar las ventanas, tomando las características de la configuración 3, ya que es la que presentó una menor diferencia entre el error promedio de entremetiendo y el error promedio de validación para las señales sin segmentar. En el Cuadro 4.14 se muestran los resultados para el 70 % de las ventanas en la etapa de entrenamiento del SVM. Por otro lado, en el Cuadro 4.15 se muestran los parámetros del funcionamiento para el 30 % de las ventanas restantes en la fase de validación.

Cuadro 4.14: Parámetros del funcionamiento del clasificador para la etapa de entrenamiento.

	AP	AT	LP	LT	PD	PI	RR
Sensibilidad	92.62	89.12	94.48	88.03	83.74	83.98	95.38
Especificidad	98.40	98.09	98.63	98.58	97.83	97.77	98.61
Exactitud	97.56	96.84	98.03	97.02	95.85	95.81	98.15
Eficiencia	96.19	94.68	97.052	94.54	92.47	92.52	97.38

Cuadro 4.15: Parámetros de la funcionamiento del clasificador para la etapa de validación.

	AP	AT	LP	LT	PD	PI	RR
Sensibilidad	92.99	89.53	94.71	88.40	83.84	83.94	96.59
Especificidad	98.4	98.16	98.49	98.677	97.86	97.92	98.75
Exactitud	97.67	96.91	97.95	97.23	95.84	95.91	98.44
Eficiencia	96.37	94.87	97.05	94.77	92.51	92.59	97.93

Al comparar los Cuadros 4.14 y 4.15, podemos observar que el nivel de eficiencia en la clasificación de los 7 movimientos es similar para la fase de entrenamiento y la etapa de validación, siendo el promedio de eficiencia de 95.15 % para la etapa de validación y 94.97 % para la etapa de entrenamiento, lo que indica que el algoritmo es capaz de mantener la eficiencia cuando analiza datos con los que no fue entrenado. Es importante resaltar que los porcentajes más bajos corresponden a la sensibilidad, lo que representa la proporción de verdaderos positivos correctamente identificados por el clasificador del total de ventanas.

4.5.2. Selección de características para la base de datos de la extremidad superior derecha

Una vez finalizado el análisis del algoritmo propuesto mediante la base de datos de la pierna derecha, se aplicó a la base de datos de la mano derecha para comprobar su repetibilidad. Considerando que para todas las configuraciones se llegó a un error promedio final similar debido al aporte de cada parámetro, se utilizó la configuración que se muestran en el Cuadro 4.16. Donde el número de genes está dado por 26 predictores \times 4 canales.

Cuadro 4.16: Parámetros iniciales utilizados para los algoritmos genéticos.

Nombre	Valor
Número de genes	104
Número inicial de padres	100
Porcentaje de mutación	2 %
Operador de selección	Rueda de ruleta
Operador de cruce	Dos puntos
Operador de mutación	Mutación uniforme
Iteraciones Máximas	100
SVM	Gaussiana
SVM	Lineal

En las Figuras 4.51, y 4.52 se muestran los resultados de la reducción del error promedio obtenidos durante el proceso de selección de características. Se puede observar que para el kernel lineal (Figura 4.51) se tiene un error promedio inicial de 12.68 % el cual es menor al error promedio inicial que presenta el algoritmo al usar el kernel gaussiano, el cual es de 43.21 %. Sin embargo, cuando se aplica el kernel gaussiano se obtiene un error promedio final del 8.21 % mientras que al usar el kernel lineal se obtiene 9.82 % de error promedio final. El resultado obtenido es haciendo uso del 70 % de las señales sin segmentar. Al comparar las Figuras 4.51 y 4.52, se aprecia que al usar el kernel gaussiano se tiene una disminución más rápida y mayor en magnitud del error promedio inicial.

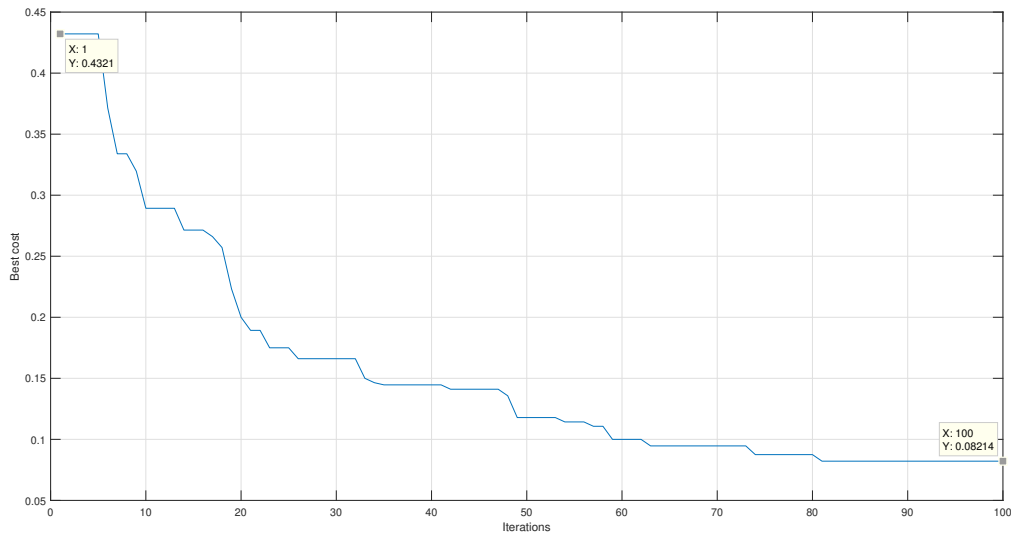


Figura 4.51: Resultados del porcentaje de error promedio para el entrenamiento y validación del SVM final con un Kernel gaussiano.

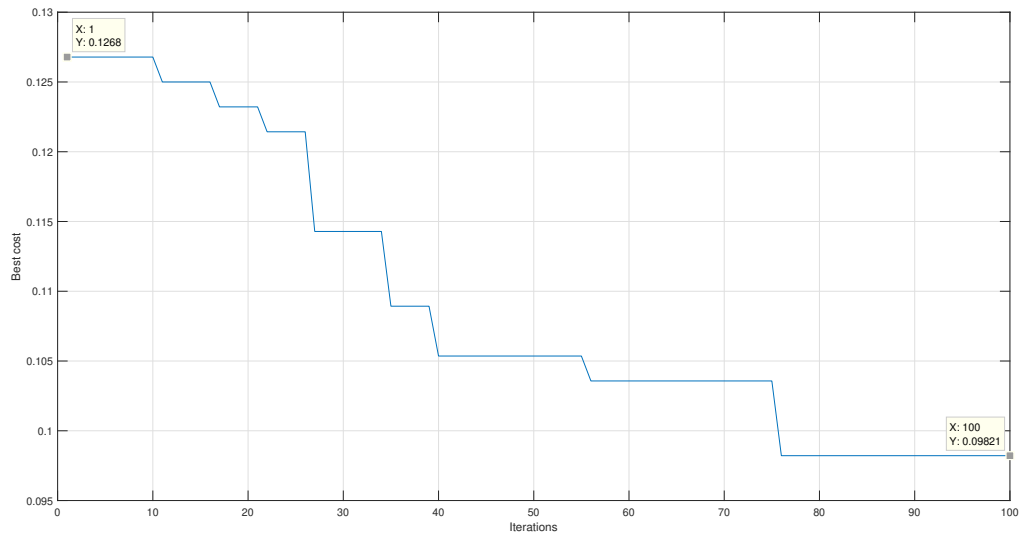


Figura 4.52: Resultados del porcentaje de error promedio para el entrenamiento y validación del SVM final con un Kernel lineal.

En el Cuadro 4.17 se muestra que para llegar a un error promedio de clasificación similar, el SVM con kernel lineal utiliza un mayor número de características que el SVM con kernel gaussiano. Debido a la baja cantidad de características necesarias para clasificar con el kernel gaussiano, se repitió dos veces más la selección con la misma configuración de los algoritmos genéticos y haciendo uso únicamente del kernel gaussiano con la finalidad de demostrar la repetibilidad. Los resultados de selección de características se muestran en las Figuras 4.53 y 4.54. Se aprecia que al igual que en la Figura 4.51, el error promedio inicial de las Figuras 4.53 y 4.54 disminuye rápidamente y tiene una magnitud similar cercana al 43 %, lo mismo para el error promedio final cuyo valor oscila entre el 5 % al 8 %.

Cuadro 4.17: Total de características seleccionadas por algoritmos genéticos haciendo uso del kernel gaussiano y lineal.

Kernel	Número de características
Lineal	60
Gaussiano	8

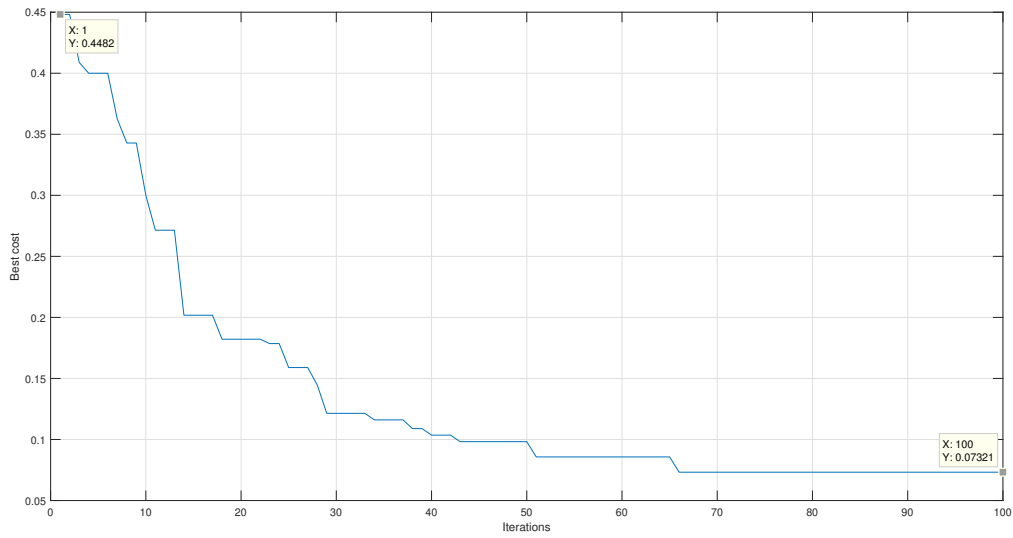


Figura 4.53: Gráfico del porcentaje de clasificación en función del número de iteraciones usando kernel gaussiano para la repetición 2.

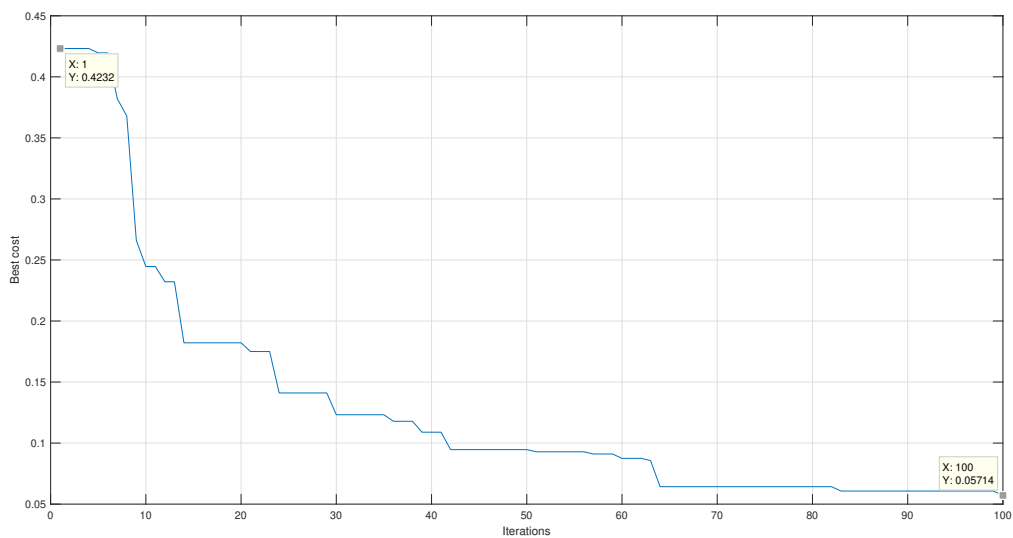


Figura 4.54: Gráfico del porcentaje de clasificación en función del número de iteraciones usando kernel gaussiano para la repetición 3.

En los Cuadros 4.18, 4.19 y 4.20 se observan las características obtenidas para cada una de las repeticiones que se llevaron a cabo del proceso de selección.

Al llevar a cabo la comparación de los cuadros 4.18, 4.19 y 4.20, se observa que se presentan

características que aparecen en dos o más repeticiones, las cuales se calculan de distintos canales, como lo son: LOG, MMAV1, MYOP, SE, WAMP, WL y ZC, lo que indica que el aporte a la clasificación podría ser mayor que otros parámetros y dependiendo del espacio de características utilizado para la clasificación se puede aplicar uno u otro canal. Los demás parámetros, solo aparecen una vez en una de las tres repeticiones, esto indica que el aporte que presentan a la clasificación depende de la sinergia del espacio de características o que todos los parámetros mencionados tiene un aporte similar.

Cuadro 4.18: Características seleccionadas mediante algoritmos genéticos haciendo uso del SVM con kernel gaussiano para repetición 1.

Número	Acronimo	Característica	Canal
1	WL	Longitud de onda	1
2	LOG	Log detector	2
3	SE	Entropia	2
4	MYOP	Tasa de porcentaje del Myopulso	2
5	MMAV1	Valor medio mdificado tipo 1	3
6	ZC	Cruces por cero	3
7	SE	Entropia	4
8	MYOP	Tasa de porcentaje del Myopulso	4

Cuadro 4.19: Características seleccionadas mediante algoritmos genéticos haciendo uso del SVM con kernel gaussiano para repetición 2.

Número	Acronimo	Característica	Canal
1	IEMG	EMG integrado	2
2 4	MMAV1 4	Valor medio modificado tipo 1	2
3	VAR	Varianza	2
4	WL	Longitud de onda	2
5	SE	Entropía	2
6	WAMP	Amplitud de Willson	2
7	WL	Longitud de onda	3
9	ZC	Cruces por cero	3
10	Y3	Valor absoluto del tercer momento	3
11	AAC	Cambio de amplitud promedio	4
12	SE	Entropia	4
13	Y4	Valor absoluto del cuarto momento	4
14	MYOP	Tasa de porcentaje del Myopulso	4

Cuadro 4.20: Características seleccionadas mediante algoritmos genéticos haciendo uso del SVM con kernel gaussiano para repetición 3.

Número	Acronimo	Característica	Canal
1	LOG	Log detector	1
2	RSM	Valor cuadrático medio	2
3	SE	Entropía	2
4	MYOP	Tasa de porcentaje del Myopulso	2
5	LOG	Log detector	3
6	MMAV2	Valor medio mdificado tipo 1	3
7	MYOP	Tasa de porcentaje del Myopulso	3
9	ZC	Cruces por cero	4
10	SK	Skewness	4
11	WAMP	Amplitud de Willson	4
12	MYOP	Tasa de porcentaje del Myopulso	4

Para finalizar la etapa de selección de características, se tomaron los parámetros dados por la repetición 1 para clasificar las ventanas debido a que dicha repetición presentó el menor número de características para llegar a un error promedio final similar a las otras dos repeticiones. Para la clasificación de las ventanas de la extremidad superior derecha se utilizó el 25 % de las ellas en la etapa de entrenamiento del SVM, en el Cuadro 4.21 se muestran los resultados. Por otro lado, en el Cuadro 4.22 se muestran los parámetros del funcionamiento para el 75 % de las ventanas restantes en la fase de validación.

Tras analizar los Cuadros 4.21 y 4.22 se aprecia que el promedio de eficiencia en la etapa de entrenamiento es similar al de la etapa de validación, cercana al 91 % para ambas etapas. Es importante resaltar que se tiene problemas en identificar los verdaderos positivos correctamente para la extensión de los dedos, esto puede ser derivado de una mala adquisición de la señal o una selección de características inadecuada para ese movimiento, ya que los algoritmos genéticos solo toman en cuenta el error promedio de clasificación general.

Cuadro 4.21: Parámetros del funcionamiento del clasificador para la etapa de entrenamiento.

	FB	EB	FD	ED	RR
Sensibilidad	93.20	89.57	84.47	72.940	81.75
Especificidad	97.19	98.39	94.03	95.32	95.59
Exactitud	96.38	96.61	92.14	90.81	92.88
Eficiencia	95.59	94.86	90.22	86.36	90.07

Cuadro 4.22: Parámetros de la funcionamiento del clasificador para la etapa de validación.

	FB	EB	FD	ED	RR
Sensibilidad	93.40	90.47	85.18	73.83	82.13

Especificidad	97.47	98.43	94.15	95.31	95.86
Exactitud	96.66	96.84	92.35	91.02	93.10
Eficiencia	95.84	95.24	90.56	86.72	90.36

Para finalizar la etapa de validación se realizó la clasificación de 14 mil 700 ventanas provenientes de una persona que no se incluyó para la fase de selección y entrenamiento de la SVM. Los resultados de sensibilidad, especificidad, exactitud y eficiencia se pueden observar en el Cuadro 4.23. Se puede observar que la eficiencia para el estado de reposo y la extensión de los dedos fue la más que disminuyó, esto se puede deber a la mala colocación de los electrodos sobre el vientre muscular.

Cuadro 4.23: Parámetros del funcionamiento del clasificador para la etapa de validación ciega.

	FB	EB	FD	ED	RR
Sensibilidad	85.272	81.939	80.238	63.946	72.143
Especificidad	95.612	93.206	95.927	83.214	82.925
Exactitud	93.544	90.952	92.789	86.361	70.769
Eficiencia	91.476	88.699	89.651	77.84	75.279

Finalmente, en los Cuadros 4.24, 4.25, 4.26 y 4.27 se muestran los tiempos de procesamiento de las distintas etapas de la metodología, despreciando algunos tiempos como: los tiempos de acomodo matricial que se tuviera, la carga y configuración de los datos y variables de inicio.

Cuadro 4.24: Tiempos de procesamiento para las etapas de selección, entrenamiento y validación de señales completas para la extremidad inferior derecha.

Etapas	Tiempo promedio
Cálculo de características por canal (26 características).	61 <i>ms</i>
Etapas de selección de características.	3 <i>hr</i>
Etapas de entrenamiento tras la selección de características usando el valor de los 27 predictores resultantes.	450 <i>ms</i>
Clasificación de una señal EMG sin segmentar durante la etapa de validación usando el valor de los 27 predictores resultantes de la selección.	1 <i>ms</i>
Clasificación de una señal EMG sin segmentar durante la etapa de validación calculando los 27 predictores dados por la selección.	71.1 <i>ms</i>
Tiempo necesario para clasificar una señal sin segmentar considerando los 5 s de duración de la señal.	5071.1 <i>ms</i>

Cuadro 4.25: Tiempos de procesamiento para las etapas de selección, entrenamiento y validación de ventanas para la extremidad inferior derecha.

Etapa	Tiempo promedio
Etapa de entrenamiento tras la selección de características usando el valor de los 27 predictores resultantes.	16.2 s
Clasificación de una ventana durante la etapa de validación usando el valor de los 27 predictores resultantes de la selección.	0.35 ms
Clasificación de una ventana durante la etapa de validación calculando los 27 predictores dados por la selección.	7.15 ms
Tiempo necesario para clasificar una ventana considerando los 60 ms de adquisición de datos nuevos para completar los 250 ms a partir de la ventana 2.	68 ms

Cuadro 4.26: Tiempos de procesamiento para las etapas de selección, entrenamiento y validación de señales completas para la extremidad superior derecha.

Etapa	Tiempo promedio
Cálculo de características por canal (26 características).	120 ms
Etapa de selección de características.	3 hr
Etapa de entrenamiento tras la selección de características usando el valor de los 8 predictores resultantes.	280 ms
Clasificación de una señal EMG sin segmentar durante la etapa de validación usando el valor de los 8 predictores resultantes de la selección.	0.4 ms
Clasificación de una señal EMG sin segmentar durante la etapa de validación calculando los 8 predictores dados por la selección.	41 ms
Tiempo necesario para clasificar una señal sin segmentar considerando los 6 s de duración de la señal.	6041 ms

Cuadro 4.27: Tiempos de procesamiento para las etapas de selección, entrenamiento y validación de ventanas para la extremidad superior derecha.

Etapa	Tiempo promedio
Etapa de entrenamiento tras la selección de características usando el valor de los 8 predictores resultantes.	14 s
Clasificación de una ventana durante la etapa de validación usando el valor de los 8 predictores resultantes de la selección.	0.8 ms
Clasificación de una ventana durante la etapa de validación calculando los 8 predictores dados por la selección.	2.7 ms
Tiempo necesario para clasificar una ventana considerando los 60 ms de adquisición de datos nuevos para completar los 250 ms a partir de la ventana 2.	63 ms

Acorde a lo mostrado en esta sección, los algoritmos genéticos son una poderosa herramienta para la selección de características, sin embargo, se debe tener cuidado al momento de seleccionar la función de costo, pues en este caso se presentó el error promedio de clasificación como el objetivo a reducir, no obstante, no toma en cuenta la disminución de los parámetros de sensibilidad, exactitud y especificidad de cada clase de forma individual lo que podría llevar a que uno de estos aspectos tenga un porcentaje bajo. A pesar de todo, los algoritmos genéticos en sincronía con SVM demostraron tener la capacidad de reducir un espacio de características, mejorando la capacidad de clasificación del algoritmo. De la misma manera, debido a la naturaleza combinatorial de los algoritmos genéticos, se presentan ciertas características no relevantes que por sí solas no afectan la clasificación, pero tampoco aportan información necesaria, las cuales se podrían eliminar analizando los resultados de diversas pruebas en conjunto con la expertis del investigador.

Otro punto importante a resaltar es que dependiendo el tipo de Kernel usado se necesita distinta cantidad de información para clasificar, por lo que una selección errónea del Kernel podría llevar a un clasificador con mayor complejidad. Bajo este dilema, el algoritmo presentado puede ayudar de forma indirecta a seleccionar un kernel bajo el criterio de elegir el kernel que nos otorgue menor error promedio con el menor número de parámetros.

A pesar de que el kernel gaussiano dio el menor número de características, la diferencia entre los resultados de las dos bases de datos, nos indica que entre más complejo el movimiento y entre más clases más información es necesaria. Ya que para la base de datos de la pierna se tenían 7 clases y los movimientos eran compuestos, es decir, se usaba más de dos músculos para llevar a cabo el movimiento. Por otro lado, para la base de datos del brazo derecho, solo se tenían 5 movimientos y los movimientos eran simples, es decir, cada uno de los músculos censados era responsable de un único movimiento. Es importante resaltar que al ser similar la distribución estadística de las ventanas y de la señal completa, es posible utilizar la información sin segmentación para seleccionar los parámetros para posteriormente validar con los datos segmentados, lo que permite ahorrar tiempo.

conclusiones

En esta sección se presentan los impactos del presente trabajo, así como las conclusiones del mismo.

5.1. Impactos

En esta sección se describen los alcances que presenta el trabajo.

5.1.1. Impacto científico

Se propone una nueva metodología para clasificación de señales EMG, utilizando algoritmos genéticos para selección de características y SVM. La propuesta tiene como objetivo aumentar los niveles de eficiencia.

5.1.2. Impacto tecnológico

El algoritmo propuesto se centrará en el aumento de eficiencia de clasificación, en la facilidad de uso y la portabilidad. La metodología propuesta será con base en algoritmos genéticos y técnicas avanzadas de procesamiento de señales.

5.1.3. Impacto social

Los sistemas de procesamiento de señales EMG son críticos en el campo de la medicina, específicamente en el área de rehabilitación, prótesis y órtesis, debido a esto se vuelve necesario trabajar en la identificación de movimientos a través de las señales EMG, ya que son parte esencial a la manipulación de prótesis, con un comportamiento más natural y con mayor funcionalidad.

5.1.4. Impacto económico

Al optimizar e implementar mejoras en un sistema de procesamiento de señales EMG, es posible perfeccionar la manipulación de dispositivos para la rehabilitación, prótesis u órtesis a través de los impulsos musculares del usuario, permitiendo que dichos dispositivos se vuelvan más accesibles para personas con recursos limitados, ya que la mayoría de los dispositivos en el mercado son

costosos y aumentan significativamente con la precisión y naturalidad del movimiento resultante de las técnicas de detección y clasificación que aplican.

5.1.5. Productos logrados

En este trabajo de investigación se desarrolló un prototipo para adquisición de señales EMG además de una interfaz amigable con el usuario, la cual permite visualizar en tiempo real la señal adquirida. Por otro lado, se aplicó un algoritmo para procesamiento y clasificación de biopotenciales. Finalmente, se publicó el artículo *A novel methodology to classify myoelectric signals using genetic algorithms and support vector machines* en el XVII International Engineering Congress (CONIIN).

5.2. Conclusiones

- El algoritmo basado en algoritmos genéticos y SVM, logro un porcentaje de eficiencia promedio del 90 % para ambas bases de datos tras el proceso de selección de características.
- Se ha diseñado y desarrollado un dispositivo portátil modular de adquisición de señales EMG, fabricado con componentes de montaje superficial para disminuir el espacio utilizado.
- La necesidad de filtros analógicos en la etapa de adquisición, demostró tener resultados comparables a los filtros digitales, por lo cual son una opción para disminuir el tiempo de preprocesamiento.
- La selección de combinaciones de características del tiempo de EMG puede superar el impacto de las perturbaciones en la clasificación de patrones de EMG hasta cierto punto; sin embargo, se sugiere explorar nuevas metodologías para las ubicaciones de los electrodos para mejorar aún más la solidez del reconocimiento de patrones EMG.
- Los algoritmos genéticos en combinación con SVM como función de costo demostraron tener la capacidad de disminuir el espacio de características inicial para señales EMG, mientras aumentan el porcentaje de en la clasificación.

5.2.1. Trabajo a futuro

- Aplicar el sistema de adquisición a personas con alguna amputación.
- Aplicar el sistema de selección de características y clasificación a señales EMG de personas amputadas.
- Explorar características en frecuencia en el proceso de selección.
- Utilizar el sistema de clasificación en tiempo real para el control de un actuador (brazo robotico /prótesis).

Bibliografía

- [1] J. Too, A. R. Abdullah, N. Mohd Saad, and W. Tee, “Emg feature selection and classification using a pbest-guide binary particle swarm optimization,” *Computation*, vol. 7, no. 1, 2019.
- [2] J. Too, A. Abdullah, N. Saad, and W. Tee, “Emg feature selection and classification using a pbest-guide binary particle swarm optimization,” *Computation*, vol. 7, no. 1, 2019.
- [3] V. Chahar, S. Katoch, and S. Chauhan, “A review on genetic algorithm: Past, present, and future,” *Multimedia Tools and Applications*, vol. 80, 02 2021.
- [4] A. Roche, H. Rehbaum, D. Farina, and O. Aszmann, “Prosthetic myoelectric control strategies: A clinical perspective,” *Current Surgery Reports*, vol. 2, 03 2014.
- [5] C. Fang, B. He, Y. Wang, J. Cao, and S. Gao, “Emg-centered multisensory based technologies for pattern recognition in rehabilitation: State of the art and challenges,” *Biosensors*, vol. 10, no. 8, 2020.
- [6] D. C. Toledo-Pérez, J. Rodríguez-Reséndiz, R. A. Gómez-Loenzo, and J. C. Jauregui-Correa, “Support Vector Machine-based EMG signal classification techniques: A review,” *Applied Sciences (Switzerland)*, vol. 9, no. 20, 2019.
- [7] R. H. Chowdhury, M. B. I. Reaz, M. A. B. M. Ali, A. A. A. Bakar, K. Chellappan, and T. G. Chang, “Surface electromyography signal processing and classification techniques,” *Sensors (Basel)*, vol. 13, pp. 12431–12466, Sept. 2013.
- [8] B. Peerdeman, D. Boere, H. Witteveen, R. Veld, H. Hermens, S. Stramigioli, J. Rietman, P. Veltink, and S. Misra, “Myoelectric forearm prostheses: State of the art from a user-centered perspective,” *Journal of rehabilitation research and development*, vol. 48, pp. 719–37, 07 2011.
- [9] S. Kumar and B. John, “A novel gaussian based particle swarm optimization gravitational search algorithm for feature selection and classification,” *Neural Computing and Applications*, vol. 33, pp. 1–15, 10 2021.
- [10] A. M. Hemeida, S. A. Hassan, A.-A. A. Mohamed, S. Alkhalaf, M. M. Mahmoud, T. Senjyu, and A. B. El-Din, “Nature-inspired algorithms for feed-forward neural network classifiers: A survey of one decade of research,” *Ain Shams Engineering Journal*, vol. 11, no. 3, pp. 659–675, 2020.

- [11] T. Cuong-Le, H.-L. Minh, S. Khatir, M. A. Wahab, M. T. Tran, and S. Mirjalili, "A novel version of cuckoo search algorithm for solving optimization problems," *Expert Systems with Applications*, vol. 186, p. 115669, 2021.
- [12] Y. Xu, H. Huang, A. A. Heidari, W. Gui, X. Ye, Y. Chen, H. Chen, and Z. Pan, "Mfeature: Towards high performance evolutionary tools for feature selection," *Expert Systems with Applications*, vol. 186, p. 115655, 2021.
- [13] D. Banerjee, B. Chatterjee, P. Bhowal, T. Bhattacharyya, S. Malakar, and R. Sarkar, "A new wrapper feature selection method for language-invariant offline signature verification," *Expert Systems with Applications*, vol. 186, p. 115756, 2021.
- [14] M. Asghari Oskoei and H. Hu, "Myoelectric control systems-A survey," *Biomedical Signal Processing and Control*, vol. 2, no. 4, pp. 275–294, 2007.
- [15] L. Quitadamo, F. Cavrini, L. Sbernini, F. Riillo, L. Bianchi, S. Seri, and G. Saggio, "Support vector machines to detect physiological patterns for eeg and emg-based human-computer interaction: A review," *Journal of Neural Engineering*, vol. 14, no. 1, 2017.
- [16] L. gao Zhou, X. dong Lu, and G. shu Hu, *Biomedical Signal Processing*. 2019.
- [17] X. Li, R. Xu, O. W. Samuel, L. Tian, H. Zou, X. Zhang, S. Chen, P. Fang, and G. Li, "A new approach to mitigate the effect of force variation on pattern recognition for myoelectric control," *Proceedings of the Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society, EMBS*, vol. 2016-Octob, pp. 1684–1687, 2016.
- [18] D. C. Toledo-Perez, J. Rodriguez-Resendiz, and R. A. Gomez-Loenzo, "A study of computing zero crossing methods and an improved proposal for EMG signals," *IEEE Access*, vol. 8, pp. 8783–8790, 2020.
- [19] A. Goen, "Classification of the Myoelectric Signals of Movement of Forearms for Prosthesis Control," vol. 5, no. 2, pp. 76–84, 2016.
- [20] R. N. Khushaba, A. Al-Timemy, S. Kodagoda, and K. Nazarpour, "Combined influence of forearm orientation and muscular contraction on EMG pattern recognition," *Expert Systems with Applications*, vol. 61, pp. 154–161, 2016.
- [21] L. Z. Liao, Y. L. Tseng, H. H. Chiang, and W. Y. Wang, "EMG-based Control Scheme with SVM Classifier for Assistive Robot Arm," *2018 International Automatic Control Conference, CACS 2018*, pp. 1–5, 2019.
- [22] Y. Cai, Y. Guo, H. Jiang, and M. C. Huang, "Machine-learning approaches for recognizing muscle activities involved in facial expressions captured by multi-channels surface electromyogram," *Smart Health*, vol. 5-6, no. November, pp. 15–25, 2018.
- [23] Z. Lu, Argyrios Stampas, G. E. Francisco, and P. Zhou, "Offline and online myoelectric pattern recognition analysis and real-time control of a robotic hand after spinal cord injury," *Journal of Neural Engineering*, vol. in press, 2019.
- [24] X. Sui, K. Wan, and Y. Zhang, "Pattern recognition of SEMG based on wavelet packet transform and improved SVM," *Optik*, vol. 176, pp. 228–235, 2019.

- [25] X. Zhai, B. Jelfs, R. H. Chan, and C. Tin, “Self-recalibrating surface EMG pattern recognition for neuroprosthesis control based on convolutional neural network,” *Frontiers in Neuroscience*, vol. 11, no. JUL, pp. 1–11, 2017.
- [26] A. Ameri, M. A. Akhaee, E. Scheme, and K. Englehart, “Regression convolutional neural network for improved simultaneous EMG control,” *Journal of Neural Engineering*, vol. 16, no. 3, 2019.
- [27] O. W. Samuel, H. Zhou, X. Li, H. Wang, H. Zhang, A. K. Sangaiah, and G. Li, “Pattern recognition of electromyography signals based on novel time domain features for amputees’ limb motion classification,” *Computers and Electrical Engineering*, vol. 67, pp. 646–655, 2018.
- [28] C. Wei, H. Wang, F. Hu, J. Chen, Y. Lu, and Y. Qi, “Feature selection and reduction of lower limb activity recognition based on surface electromyography and motion data,” *Journal of Physics: Conference Series*, vol. 2025, p. 012006, sep 2021.
- [29] H. Ghapanchizadeh, S. Ahmad, A. Ishak, and M. Al-Quraishi, “Review of surface electrode placement for recording electromyography signals,” *Biomedical Research (India)*, vol. 2017, no. Special Issue ComplexWorldofNeuroscience, pp. S1–S7, 2017.
- [30] G. Tortora and B. Derrickson, *Principios de anatomia y fisiologia / Principles of Anatomy and Physiology*.
- [31] M. Aviles, L.-M. Sanchez-Reyes, and D. C. Toledo-Pérez, “A novel methodology to classify myoelectric signals using genetic algorithms and support vector machines,” in *2021 XVII International Engineering Congress (CONIIN)*, pp. 1–8, 2021.
- [32] A. Naït-ali, *Advanced Biosignal Processing*. 01 2009.
- [33] J. Correa-Figueroa, E. Morales-Sánchez, J. Huerta-Ruelas, J. González-Barbosa, and C. Cárdenas-Páez, “Sistema de Adquisición de Señales de EMG para la Detección de Fatiga Muscular,” *Revista mexicana de ingeniería biomédica*, vol. 37, pp. 17 – 27, 04 2016.
- [34] M. Hakonen, H. Piitulainen, and A. Visala, “Current state of digital signal processing in myoelectric interfaces and related applications,” *Biomed. Signal Process. Control.*, vol. 18, pp. 334–359, 2015.
- [35] H. J. Hermens, B. Freriks, C. Disselhorst-Klug, and G. Rau, “Development of recommendations for semg sensors and sensor placement procedures,” *Journal of Electromyography and Kinesiology*, vol. 10, no. 5, pp. 361–374, 2000.
- [36] R. Merletti, A. Botter, A. Troiano, E. Merlo, and M. A. Minetto, “Technology and instrumentation for detection and conditioning of the surface electromyographic signal: State of the art,” *Clinical biomechanics (Bristol, Avon)*, vol. 24, pp. 122–34, 12 2008.
- [37] D. Stegeman and H. Hermens, “Standards for surface electromyography: The european project surface emg for non-invasive assessment of muscles (seniam),” vol. 1, 01 2007.
- [38] E. M. Tamil, N. S. Bashar, M. Y. I. Idris, and A. M. Tamil, “A review on feature extraction & classification techniques for biosignal processing (part iii: Electromyogram),” in *4th*

- Kuala Lumpur International Conference on Biomedical Engineering 2008* (N. A. Abu Osman, F. Ibrahim, W. A. B. Wan Abas, H. S. Abdul Rahman, and H.-N. Ting, eds.), (Berlin, Heidelberg), pp. 117–121, Springer Berlin Heidelberg, 2008.
- [39] G. Naik, *Biomedical Signal Processing: Advances in Theory, Algorithms and Applications*.
- [40] M. Asghari Oskoei and H. Hu, “Myoelectric control systems—a survey,” *Biomedical Signal Processing and Control*, vol. 2, no. 4, pp. 275 – 294, 2007.
- [41] J.-W. Lee, M.-J. Shin, M.-H. Jang, W.-B. Jeong, and S.-J. Ahn, “Two-stage binary classifier for neuromuscular disorders using surface electromyography feature extraction and selection,” *Medical Engineering Physics*, vol. 98, pp. 65–72, 2021.
- [42] M. Oskoei and H. Hu, “Support vector machine-based classification scheme for myoelectric control applied to upper limb,” *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 55, no. 8, pp. 1956–1965, 2008.
- [43] D. Tkach, H. Huang, and T. A. Kuiken, “Study of stability of time-domain features for electromyographic pattern recognition,” *Journal of NeuroEngineering and Rehabilitation*, vol. 7, p. 21, May 2010.
- [44] B. Hudgins, P. Parker, and R. Scott, “A new strategy for multifunction myoelectric control,” *IEEE transactions on bio-medical engineering*, vol. 40, pp. 82–94, 02 1993.
- [45] S.-H. Park and S.-P. Lee, “Emg pattern recognition based on artificial intelligence techniques,” *IEEE Transactions on Rehabilitation Engineering*, vol. 6, no. 4, pp. 400–405, 1998.
- [46] K. Zhu and J. Yang, “A cluster-based sequential feature selection algorithm,” pp. 848–852, 2013.
- [47] M. Lee and Z. Su, “A review of envelope models,” *International Statistical Review*, vol. 88, no. 3, pp. 658–676, 2020.
- [48] G. Saranya and A. Pravin, “Feature selection techniques for disease diagnosis system: A survey,” *Lecture Notes in Networks and Systems*, vol. 130, pp. 249–258, 2021.
- [49] H. Yan, J. Zheng, Y. Jiang, C. Peng, and S. Xiao, “Selecting critical clinical features for heart diseases diagnosis with a real-coded genetic algorithm,” *Applied Soft Computing Journal*, vol. 8, no. 2, pp. 1105–1111, 2008.
- [50] E. Gokgoz and A. Subasi, “Comparison of decision tree algorithms for emg signal classification using dwt,” *Biomedical Signal Processing and Control*, vol. 18, 04 2015.
- [51] A. de Cheveigné and I. Nelken, “Filters: When, why, and how (not) to use them,” *Neuron*, vol. 102, no. 2, pp. 280–293, 2019.
- [52] B. C. Baker, “Bandstop filters and the bainter topology,” *Analog Applications Journal*, no. 1, pp. 1–10, 2015.
- [53] H. S. . G. J. Kakoty, N.M., “Emg feature set selection through linear relationship for grasp recognition,” *Journal of Medical and Biological Engineering*, no. 36, p. 883–890, 2016.

- [54] C. N. Savithri and E. Priya, “Statistical analysis of emg-based features for different hand movements,” in *Smart Intelligent Computing and Applications* (S. C. Satapathy, V. Bhateja, and S. Das, eds.), (Singapore), pp. 71–79, Springer Singapore, 2019.
- [55] R. Gupta and R. Agarwal, “Single channel emg-based continuous terrain identification with simple classifier for lower limb prosthesis,” *Biocybernetics and Biomedical Engineering*, vol. 39, no. 3, pp. 775–788, 2019.