



Universidad Politécnica  
de Madrid



**Escuela Técnica Superior de  
Ingenieros Informáticos**

Grado en Ciencia de Datos e Inteligencia Artificial

Trabajo Fin de Grado

**Predicción Avanzada de Sepsis en  
Pacientes Hospitalizados: Exploración  
de Métodos y Modelos en Series  
Temporales**

Autor: Cristina Sandoval Nuño

Tutor: Juan Pedro Caraca-Valente Hernandez

Madrid, junio 2024

Este Trabajo Fin de Grado se ha depositado en la ETSI Informáticos de la Universidad Politécnica de Madrid para su defensa.

*Trabajo Fin de Grado*

*Grado en Ciencia de Datos e Inteligencia Artificial*

*Título: Predicción Avanzada de Sepsis en Pacientes Hospitalizados:  
Exploración de Métodos y Modelos en Series Temporales*

Junio 2024

*Autor:* Cristina Sandoval Nuño

*Tutor:*

Juan Pedro Caraca-Valente Hernández

Lenguajes y Sistemas Informáticos e Ingeniería de Software

ETSI Informáticos

Universidad Politécnica de Madrid

# Resumen

La sepsis es una afección grave, y su predicción temprana sigue siendo un desafío para los médicos. Este TFG explora el potencial de la Inteligencia Artificial para anticipar la aparición de sepsis en pacientes hospitalizados.

La sepsis es una respuesta inflamatoria grave del organismo a una infección, y puede conducir a shock séptico, fallo multiorgánico y muerte. La detección y el tratamiento temprano son cruciales para mejorar el pronóstico de los pacientes. Sin embargo, los métodos tradicionales de diagnóstico a menudo no son lo suficientemente sensibles o específicos para identificar la sepsis en sus primeras etapas.

El objetivo principal de este trabajo es desarrollar un sistema de predicción de sepsis basado en aprendizaje automático que pueda identificar pacientes con riesgo de desarrollar sepsis entre 12 y 24 horas antes de su aparición.

Se utilizarán diferentes modelos de aprendizaje automático para la clasificación de series temporales, como redes neuronales recurrentes (RNN) y *ensembles* como Arsenal.

Los modelos se entrenarán con datos de series temporales provenientes de pacientes de UCI, que incluyen registros de signos vitales, parámetros de laboratorio y datos clínicos. Se evaluará el rendimiento de los modelos mediante métricas de clasificación como la precisión, la sensibilidad y la especificidad.

Los datos utilizados en este trabajo son de código abierto y provienen de la siguiente fuente: SepsisExp. Los datos incluyen registros de signos vitales, parámetros de laboratorio y datos clínicos de pacientes de UCI.

Uno de los principales desafíos en el aprendizaje automático aplicado al ámbito sanitario es la dificultad de obtener datos clínicos debido a problemas de privacidad. En este caso, se utilizarán datos de código abierto que han sido anonimizados para proteger la privacidad de los pacientes.

Los resultados obtenidos son buenos, lo que indica que se ha desarrollado un sistema de predicción de sepsis preciso y eficaz que puede ayudar a los médicos a identificar y tratar a los pacientes de manera más temprana y efectiva, mejorando así su pronóstico. Específicamente, el modelo LSTM-FCN demostró ser superior en todas las métricas de evaluación, superando el estado del arte en la predicción de sepsis, con una precisión y sensibilidad destacadas.

# Abstract

Sepsis is a serious condition, and its early prediction remains a challenge for clinicians. This TFG explores the potential of Artificial Intelligence to anticipate the onset of sepsis in hospitalised patients.

Sepsis is a severe inflammatory response of the body to infection, and can lead to septic shock, multi-organ failure and death. Early detection and treatment are crucial to improve the prognosis of patients. However, traditional diagnostic methods are often not sensitive or specific enough to identify sepsis in its early stages.

The main objective of this work is to develop a machine learning-based sepsis prediction system that can identify patients at risk of developing sepsis 12-24 hours before its onset.

Different machine learning models will be used for time series classification, such as recurrent neural networks (RNN) and ensembles such as Arsenal.

The models will be trained on time series data from ICU patients, including vital sign records, laboratory parameters and clinical data. The performance of the models will be evaluated using classification metrics such as accuracy, sensitivity and specificity.

The data used in this work is open source and comes from the following source: SepsisExp. The data includes vital sign records, laboratory parameters and clinical data from ICU patients.

One of the main challenges in machine learning applied to healthcare is the difficulty of obtaining clinical data due to privacy issues. In this case, open source data that has been anonymised to protect patient privacy will be used.

The results obtained are good, indicating that an accurate and efficient sepsis prediction system has been developed that can help clinicians identify and treat patients earlier and more effectively, thus improving their prognosis. Specifically, the LSTM-FCN model proved superior in all assessment metrics, surpassing the state of the art in sepsis prediction, with outstanding accuracy and sensitivity.

# Tabla de contenidos

<b>1</b>	<b>Introducción</b>	<b>1</b>
1.1	Motivación	1
1.2	Importancia del diagnóstico precoz	2
1.3	Planteamiento del trabajo	2
<b>2</b>	<b>Contexto</b>	<b>4</b>
2.1.	Series temporales	4
2.2.	Aprendizaje Supervisado	4
2.3.	Redes Neuronales Recurrentes	5
2.4	Ensembles	7
2.5	Redes Neuronales Convolucionales	8
2.6	Random Convolutional Kernels Transform - ROCKET	8
2.7	Long Short-Term Memory (LSTM)	9
2.8	Gated Recurrent Units (GRU)	11
<b>3</b>	<b>Tecnologías empleadas</b>	<b>13</b>
3.1	Lenguaje de Programación – Python	13
3.2	Bibliotecas de Python	13
3.2.1	Pandas	13
3.2.2	Scikit-time (sktime)	13
3.2.3	Matplotlib	13
3.2.4	Pytorch	13
3.3	Entorno de Desarrollo – VSCode	14
<b>4</b>	<b>Desarrollo</b>	<b>15</b>
4.1	Dataset SepsisExp	15
4.2	Preprocesado y entendimiento de los datos	18
4.3	Modelos de clasificación de series temporales utilizados	23
4.3.1	Bagging de ROCKETs	23
4.3.2	Arsenal	24
4.3.3	GRU	25
4.3.4	LSTM-FCN	26
<b>5</b>	<b>Resultados</b>	<b>28</b>
5.1	Ponderación de los resultados	28
5.2	Métricas empleadas para evaluar el modelo	29
5.2.1	Precisión	30
5.2.2	Sensibilidad	30
5.2.3	F1 – Score	30
5.3	Mejores resultados por días y modelo	31
5.3.1	Modelo dos días	31

5.3.2	Modelo tres días.....	31
5.3.3	Modelo cuatro días.....	32
5.3.4	Modelo cinco días.....	32
5.3.5	Modelo seis días.....	33
5.3.6	Modelo una semana .....	33
<b>6</b>	<b>Validación del Modelo con Paciente Simulado.....</b>	<b>35</b>
<b>7</b>	<b>Conclusiones.....</b>	<b>37</b>
<b>8</b>	<b>Trabajo futuro .....</b>	<b>38</b>
<b>9</b>	<b>Análisis de impacto .....</b>	<b>39</b>
	<b>Referencias .....</b>	<b>40</b>

# 1 Introducción

## 1.1 Motivación

La sepsis es una afección grave que provoca una alteración en las funciones de los principales órganos vitales y en el 40% de los casos puede causar la muerte. Suele iniciarse como una infección local que pasa ser generalizada, extendiéndose a todos los órganos y pudiendo producir un shock séptico. El shock séptico es un tipo grave de sepsis en el cual las alteraciones circulatorias y celulares o metabólicas son tan graves que incrementan el riesgo de muerte de manera sustancial [1].

La sepsis es una urgencia médica y si no se diagnostica y trata de forma temprana, puede ocasionar daño irreversible a los tejidos, choque séptico e insuficiencia orgánica múltiple, poniendo en riesgo la vida [2].

Según la OPM (Organización Pandémica Mundial) y la OMS (Organización Mundial de la Salud), cada año, aproximadamente 31 millones de personas sufren un episodio de sepsis. De estos, unos 6 millones de personas fallecen a causa de la sepsis. En los países de bajos ingresos la carga de la sepsis es aún más elevada y representa una de las causas principales de muerte maternal y neonatal. Aun así, resulta muy difícil hacer una valoración objetiva del impacto de la enfermedad a nivel mundial debido a las limitaciones que existen en el diagnóstico. [2]

Los costes generados por la sepsis grave en la Comunidad de Madrid suponen unos 10.000 euros por episodio. Esta cifra es más baja que la estima Estados Unidos (34.000 euros por caso) u otros países europeos (de 23.000-29.000 euros por caso). Además, se observa que el coste en los episodios que fallecen (11.199,9 euros) es superior al de los que no fallecen (9.494,1 euros), posiblemente por la mayor gravedad que presentan dichos pacientes y al mayor esfuerzo terapéutico que reciben. De forma comparativa, el coste generado por la sepsis grave en la Comunidad de Madrid, más de 70 millones de euros, es muy superior al que representa la atención de otras enfermedades como el infarto, que supone unos 16 millones de euros[3][3]

De esta forma, la sepsis es considerada un problema de salud pública, ya que es una patología en aumento a nivel mundial que puede afectar a cualquier persona, con consecuencias más graves en las personas de edad avanzada y en personas con enfermedades crónicas o sistema inmunitario afectado.

La OMS ha publicado en 2024 [4] que la sepsis es considerada la principal causa de mortalidad en los pacientes ingresados en el hospital. Su incidencia aumenta equiparándose o superando a otras enfermedades graves como el ictus, el cáncer o el infarto de miocardio, con la desventaja de que es una patología más desconocida y con una menor concienciación que las anteriores.

Existen métodos tradicionales de diagnóstico basados en reglas derivadas del propio conocimiento y experiencia de los expertos clínicos para su detección, pero no son lo suficientemente sensibles o específicos para identificar la sepsis en sus primeras etapas. Sin embargo, el uso de Inteligencia Artificial y aprendizaje automático podría ayudar a su predicción para poder tratar la infección cuanto antes.

## **1.2 Importancia del diagnóstico precoz**

La sepsis, con frecuencia, pasa inadvertida o es diagnosticada incorrectamente en sus primeras manifestaciones cuando aún podría ser tratada de forma eficaz. Por eso, una mayor concienciación sobre sus manifestaciones clínicas en la comunidad, la mejora de las capacidades de detección temprana, así como con el manejo apropiado y la notificación oportuna son los desafíos más importantes en la prevención y tratamiento de la sepsis.

Durante 25 años se analizó el problema de la sepsis desde el mismo punto de vista, y se mantuvieron índices de mortalidad similares. Hasta el momento no ha sido posible detener a tiempo la afección antes de que se desencadene, por eso se considera que vale la pena mirar el problema desde otro ángulo, y actuar antes de que aparezca la respuesta. [5]

El diagnóstico precoz y la atención clínica oportuna y apropiada de una sepsis, por ejemplo, mediante el uso óptimo de antimicrobianos y la rehidratación, son elementos cruciales para aumentar las probabilidades de supervivencia. Aunque una sepsis puede iniciarse de manera repentina y presenta una carga de mortalidad a corto plazo, también puede ser la causa de una importante enfermedad a largo plazo que requiera tratamiento y apoyo. En consecuencia, el tratamiento de una sepsis requiere un enfoque multidisciplinario. [6]

La identificación temprana del paciente con sepsis es fundamental ya que para reducir su mortalidad es imprescindible comenzar el tratamiento precozmente. Cada hora de retraso en el inicio del tratamiento antibiótico eficaz conduce a un incremento de mortalidad del 7,6%. [7]. Por ello, es imprescindible el uso de modelos que ayuden en la predicción de la sepsis.

## **1.3 Planteamiento del trabajo**

El objetivo principal de este trabajo es desarrollar un sistema de predicción de sepsis en pacientes hospitalizados mediante el uso de diferentes modelos de aprendizaje automático aplicados a datos de series temporales. Para ello, se ha seguido el siguiente procedimiento general.

1. Obtención de los datos: Se parte de datos que consisten en series temporales de signos vitales, parámetros de laboratorio y otros datos clínicos de pacientes en unidades de cuidados intensivos (UCI).

2. Preprocesamiento de Datos: Los datos han sido preprocesados para asegurar su calidad y relevancia. Esto incluye la limpieza de datos, estudio de los mismos y la generación conjuntos diferentes para entrenar diferentes modelos.
3. Aplicación de Modelos de Aprendizaje Automático: Se emplearán cuatro modelos diferentes para la clasificación de series temporales:
  - Arsenal: Un ensemble de clasificadores diseñado para series temporales.
  - Redes Neuronales Recurrentes (RNN), específicamente utilizando Unidades de Memoria a Corto y Largo Plazo (LSTM) combinadas con Redes Convolucionales (FCN).
  - Además, se utilizará otro tipo de Redes Neuronales Recurrentes, las Unidades Recurrentes Cerradas (GRU).
  - Bagging de transformadores ROCKET: Un método que utiliza convoluciones aleatorias para transformar las series temporales en una representación más manejable.

Con estos modelos se pretende lograr los siguientes objetivos específicos:

- Predicción Temprana de Sepsis: Identificar pacientes con riesgo de desarrollar sepsis entre 12 y 24 horas antes de su aparición, permitiendo una intervención clínica temprana.
- Mejora en la Precisión del Diagnóstico: Aumentar la precisión, sensibilidad y especificidad de la predicción de sepsis en comparación con los métodos tradicionales.
- Evaluación Comparativa de Modelos: Analizar y comparar el rendimiento de los diferentes modelos utilizados para determinar cuál es el más efectivo en la predicción de sepsis.

Objetivos Secundarios

- Robustez y Generalización: Evaluar la capacidad de los modelos para generalizar sus predicciones a diferentes conjuntos de datos y escenarios clínicos.
- Facilidad de Implementación: Considerar la viabilidad de implementación de los modelos en un entorno clínico real, incluyendo la necesidad de recursos computacionales y la integración con sistemas existentes.

Estos objetivos buscan no solo mejorar la predicción de sepsis, sino también ofrecer un enfoque práctico y aplicable que pueda ser adoptado en hospitales para salvar vidas mediante la intervención temprana.

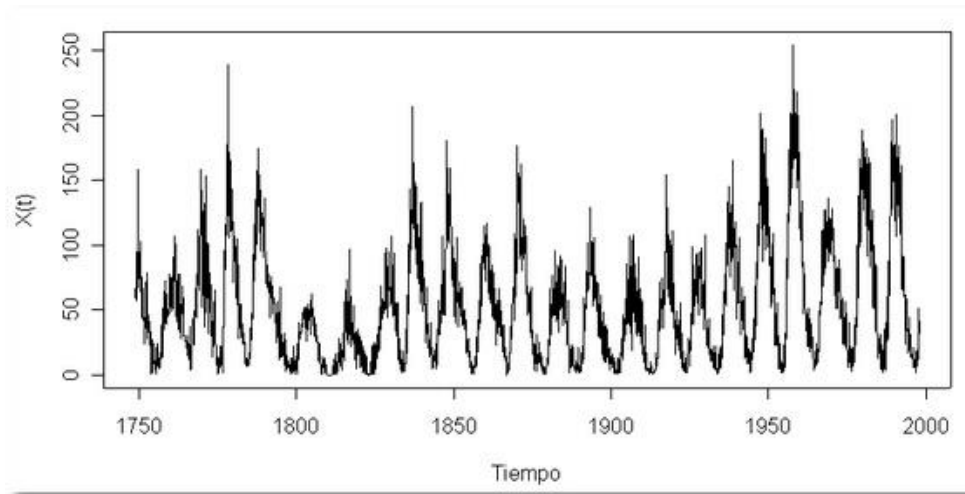
## 2 Contexto

Para entender el desarrollo del trabajo y los modelos empleados durante el mismo, primero es necesario explicar algunos conceptos previos.

### 2.1. Series temporales

Una serie temporal es un conjunto de observaciones que se obtiene midiendo una variable de manera regular a lo largo de un periodo de tiempo. Estos datos muestran cómo un fenómeno o una variable va cambiando con el tiempo. [8]. Muchas áreas, como la economía, la meteorología y la medicina, entre otras, dependen de series temporales. En dichas áreas se observa alguna variable a intervalos regulares y conocidos a lo largo de un período de tiempo determinado. Como resultado, los datos de una serie temporal habitual son una secuencia o lista de observaciones distintas que representan mediciones tomadas a intervalos regulares.

Una serie temporal se representa como se muestra en la Tabla 1 Figura 1, donde el tiempo aparece en el eje X y los valores de la variable X, dependiente del tiempo t, en el eje Y.



*Figura 1. Ejemplo de representación de una serie temporal.*

### 2.2. Aprendizaje Supervisado

El aprendizaje supervisado utiliza un conjunto de entrenamiento para enseñar a los modelos a producir el resultado deseado. Este conjunto de datos de entrenamiento incluye entradas y salidas etiquetadas, lo que permite al modelo aprender con el tiempo [9].

El algoritmo mide su precisión a través de la función de pérdida, ajustando los parámetros mientras que el error va minimizándose. El aprendizaje

supervisado puede dividirse en dos tipos de problemas a la hora de extraer datos:

- Clasificación: Utiliza un algoritmo para asignar los datos a diferentes categorías.
- Regresión: Se usa para entender la relación entre variables dependientes e independientes. En este caso, la variable objetivo es continua.

### 2.3. Redes Neuronales Recurrentes

Las redes neuronales recurrentes (RNN, por sus siglas en inglés) son un tipo de red neuronal diseñada para manejar datos secuenciales, lo que las hace particularmente útiles para tareas como el Procesamiento del Lenguaje Natural, la predicción y/o clasificación de series temporales y la traducción automática [10]. A diferencia de las redes neuronales tradicionales y de las redes convolucionales, que asumen que las entradas son independientes entre sí, las RNN tienen la capacidad de recordar información de pasos anteriores en la secuencia gracias a sus conexiones recurrentes.

Como se ve en la Figura 2, una red neuronal tradicional está compuesta por varias capas, y estas capas, a su vez, están formadas por múltiples neuronas. Una neurona es una unidad básica de procesamiento de información en una red neuronal. Cada neurona recibe una serie de entradas, las procesa y produce una salida.

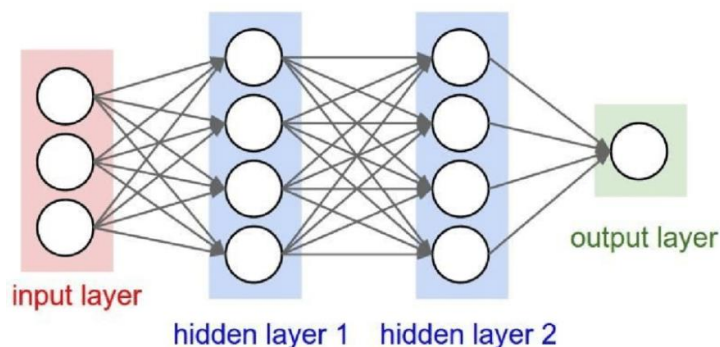


Figura 2. Estructura de una Red Neuronal Feedforward

Para cada una de las neuronas de la red, la salida  $y$  se calcula mediante la fórmula:

$$y = f(Wx + b)$$

Donde  $x$  es el vector de entrada con las características,  $W$  representa la matriz de pesos,  $b$  es el sesgo (*bias*) y  $f$  es la función de activación. Los parámetros  $W$  y  $b$  se ajustan durante el entrenamiento de la red para minimizar el error de

las predicciones. Así, la salida viene dada por una transformación a la que se le aplica una función de activación como se ve en la Figura 3.

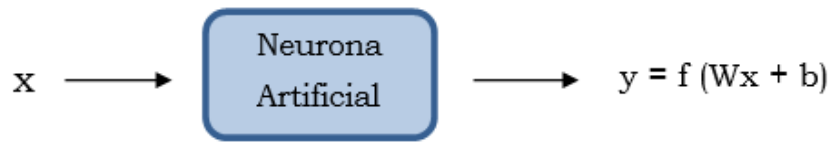


Figura 3. Funcionamiento de una unidad neuronal clásica

Por otra parte, las RNN están diseñadas para trabajar con secuencias gracias a su estructura. Como se muestra en la Figura 4, las neuronas de las RNN tienen dos entradas y dos salidas. Para cada paso de tiempo  $t$ , la activación  $a_t$  se calcula usando tanto la entrada actual  $X_t$  como la activación del paso anterior  $a_{t-1}$ . La fórmula para calcular la activación para el tiempo  $t$  viene dada por

$$a_t = f(W_{aa} a_{t-1} + W_{ax} X_t + b_a)$$

donde  $W_{aa}$  y  $W_{ax}$  son matrices de pesos y  $b_a$  el sesgo.

La salida  $y_t$  de la RNN se calcula utilizando la activación actual  $a_t$  mediante la siguiente fórmula:

$$y_t = g(W_{ya} a_t + b_y)$$

donde  $W_{ya}$  es una matriz de pesos,  $b_y$  es el sesgo y  $g$  es la función de activación para la salida.

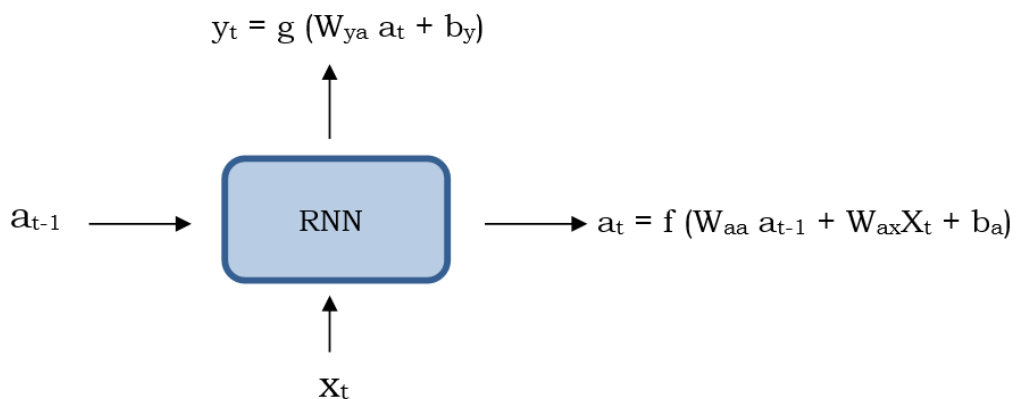


Figura 4. Funcionamiento de una unidad neuronal recurrente

De esta forma, la salida en cada momento no depende solo de la entrada actual, sino que también del estado previo de la red, lo que permite a las RNN capturar dependencias temporales y contextuales en los datos.

## 2.4 Ensembles

Los ensembles [11] son técnicas de aprendizaje automático que combinan las predicciones de múltiples modelos individuales para mejorar la precisión y robustez del modelo final. Existen varias técnicas de ensembles, entre las que se incluyen:

- **Bagging:** Mejora estimadores combinándolos, normalmente se usa el mismo método para todos los estimadores bases. Para ello se generan múltiples conjuntos de datos de entrenamiento mediante muestreo y entrena un modelo en cada uno de ellos. Las predicciones finales se obtienen promediando o votando las predicciones de todos los modelos individuales para obtener resultados más robustos.

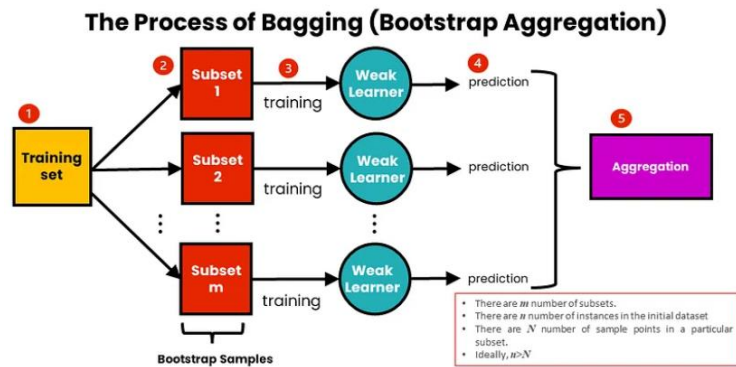


Figura 5. Diagrama representativo del funcionamiento del bagging

- **Boosting:** A diferencia del bagging, que se realiza en paralelo, el boosting es secuencial. Se construyen modelos secuenciales, donde cada modelo intenta corregir los errores del modelo anterior. La idea es combinar varios modelos débiles y producir una predicción final más precisa. Sin embargo, este enfoque tiende a sobreajustarse (*overfitting*) a los datos de entrenamiento.

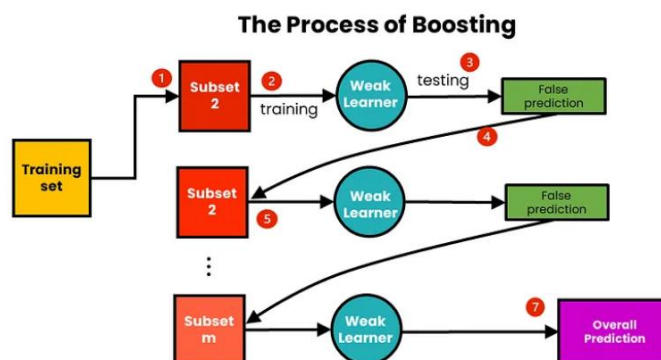


Figura 6. Diagrama representativo del funcionamiento del boosting

## 2.5 Redes Neuronales Convolucionales

Las redes convolucionales [12], son un tipo especializado de red neuronal pensado para procesar datos que tienen una topología similar a una cuadrícula. Estas redes, originalmente diseñadas para el procesamiento de imágenes, han demostrado también una alta eficiencia en el tratamiento de datos temporales ya que los datos de series temporales se pueden considerar como una cuadrícula 1-D que toma muestras a intervalos de tiempo regulares.

El uso de redes artificiales tradicionales en imágenes ignora una propiedad clave, que los píxeles cercanos están más fuertemente correlacionados que los píxeles más distantes, cosa que sí consideran las redes convolucionales. Además, es probable que las características locales, que son útiles en una parte de la imagen, lo sean en otras regiones de la imagen.

Una operación de convolución básica que se aplica a una serie temporal (1-D) como entrada, usando un *kernel* o filtro  $K$  bidimensional sería, por ejemplo:

$$(x * w)(t) = \sum_{i=0}^{K-1} x(t+i) \cdot w(i)$$

Así, las redes neuronales convolucionales modelan de forma consecutiva pequeñas piezas de información, tratando de extraer características sobre diferentes patrones de cada serie temporal en este caso [13].

## 2.6 Random Convolutional Kernels Transform - ROCKET

ROCKET (RandOm Convolutional KErnels Transform) [14] es un algoritmo diseñado para transformar series temporales utilizando un gran número de núcleos convolucionales aleatorios. Este método convierte las series temporales en características que luego se utilizan para entrenar un clasificador lineal, generalmente una regresión logística o una regresión cresta.

ROCKET transforma series temporales mediante la aplicación de núcleos o *kernels* convolucionales aleatorios. Cada núcleo tiene parámetros aleatorios: longitud, pesos, sesgo, dilatación y padding. Las características generadas por los núcleos convolucionales aleatorios se utilizan para entrenar un clasificador lineal. Para la mayoría de los conjuntos de datos se utiliza la regresión cresta [15] debido a su eficiencia en validación cruzada del hiperparámetro de regularización. Sin embargo, para conjuntos de datos muy grandes, se puede usar la regresión logística.

Cada *kernel* se aplica a cada serie temporal de entrada, produciendo un mapa de características.

Rocket calcula dos características agregadas de cada mapa de características, produciendo dos números reales como características por *kernel*, y componiendo nuestra transformación:

- el valor máximo (en términos generales, equivalente a *global max pooling*)
- la proporción de aciertos en predicciones positivas (PPV).

El *pooling*, incluyendo el *global average pooling* [16] y el *global max pooling* [17], se usa en redes neuronales convolucionales para la reducción de dimensionalidad y la invariancia espacial (o temporal) [18]. La otra característica calculada por Rocket en cada mapa de características es PPV. El PPV captura directamente la proporción de la entrada que coincide con un patrón dado. El PPV produce una precisión de clasificación significativamente mayor que otras características, incluyendo la media. Para  $k$  kernels, Rocket produce  $2k$  características por serie temporal (PPV y max).

Sin embargo, encontramos que las características producidas por Rocket proporcionan una alta precisión de clasificación cuando se utilizan como entrada para un clasificador lineal, incluso para conjuntos de datos donde el número de características supera tanto el número de ejemplos como la longitud de las series temporales. Es por esto por lo que las características obtenidas tras la transformación se utilizan para entrenar un clasificador lineal.

Rocket puede, en principio, ser utilizado con cualquier clasificador, pero suele usarse con transformaciones lineales, entre las que se recomienda usar la regresión logística y la regresión de cresta.

## 2.7 Long Short-Term Memory (LSTM)

Las redes de Memoria a Largo Plazo y Corto Plazo (Long Short-Term Memory – LSTM- en inglés) [19] es un tipo de Red Recurrente. Las LSTM se diseñaron para abordar las limitaciones de las RNN básicas explicadas anteriormente, particularmente la capacidad de las RNN en cuanto a recordar información relevante a lo largo de secuencias largas.

Como se ha explicado, las RNN tienen dos entradas y dos salidas. Como entrada la red toma el estado oculto anterior y la entrada actual ( $x$ ), generando un nuevo estado oculto mediante una transformación lineal y una función de activación, esta función es la tangente hiperbólica. Para generar la predicción se usa el nuevo estado oculto se aplica otra transformación y una función (*softmax*).

El problema es que, si tuviéramos, por ejemplo, tres pasos de tiempo, el estado oculto inicial ( $a_0$ ) afectaría de manera mínima a la predicción de  $y_3$ . Puesto que:

$$y_3 = \text{softmax}(W_{ya} \cdot a_3)$$

$$a_1 = \tanh(W_{aa} \cdot a_0)$$

$$a_2 = \tanh(W_{aa} \cdot a_1) = \tanh(W_{aa} \cdot \tanh(W_{aa} \cdot a_0))$$

$$a_3 = \tanh(W_{aa} \cdot a_2) = \tanh(W_{aa} \cdot \tanh(W_{aa} \cdot \tanh(W_{aa} \cdot a_0)))$$

Es por esto por lo que, a medida que el estado oculto inicial pasa por múltiples funciones tangente hiperbólica, se va reduciendo su impacto en la salida final.

Las Redes de Memoria a Largo Corto Plazo (LSTM) abordan esta limitación al mantener información relevante a lo largo de secuencias más largas. Para ello incluyen una celda de estado como puede verse en la Figura 7. Esta celda de estado funciona como una banda transportadora, manteniendo y actualizando la información relevante a lo largo de la secuencia. Además, permite que la información relevante se transmita y que la información irrelevante se elimine.

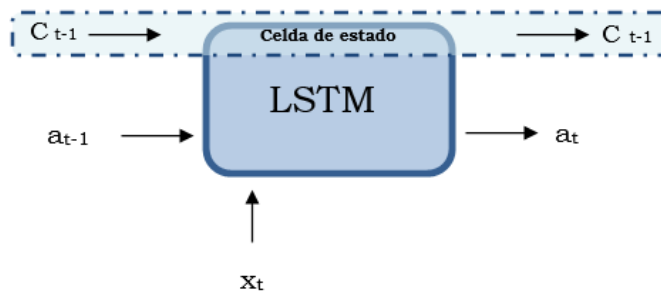


Figura 7. Esquema de una neurona LSTM

La celda de estado tiene varias compuertas:

- Forget Gate: Decide qué información eliminar de la celda de estado. Utiliza el estado oculto anterior y la entrada actual, aplicando una función sigmoïdal para generar un vector  $f_t$  que determina qué datos descartar.
- Update Gate: Añade nueva información relevante a la celda de estado. Al igual que la compuerta de olvido, transforma el estado oculto anterior y la entrada actual para generar un vector  $u_t$  que actualiza la memoria de la celda.
- Output Gate: Calcula el nuevo estado oculto. Filtra el estado de la celda actual usando una función tangente hiperbólica y el vector de salida generado por la compuerta de salida.

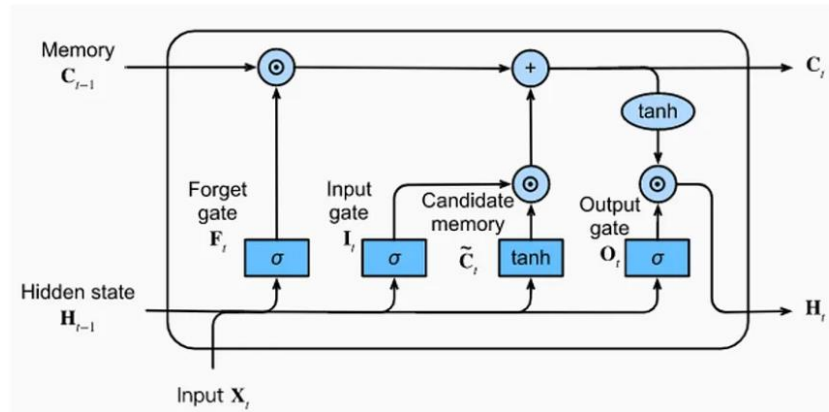


Figura 8. Estructura y Funcionamiento de una Celda LSTM

## 2.8 Gated Recurrent Units (GRU)

Las Unidades Recurrentes Cerradas (Gated Recurrent Units – GRU- en inglés) [21], al igual que las LSTM (apartado 2.6) están diseñadas para intentar resolver el problema del desvanecimiento del gradiente de una RNN. Las redes GRU aparecieron en el 2014, y usan el mismo principio que LSTM, pero están simplificadas de manera que su rendimiento está a la par con LSTM, pero computacionalmente son más eficientes.

El rendimiento de LSTM y GRU depende de la tarea, los datos y los hiperparámetros. En general, LSTM es más potente y flexible que GRU, pero también es más complejo y propenso a sobre ajustarse. GRU es más rápido y eficiente que LSTM, pero es posible que no capture las dependencias a largo plazo tan bien como LSTM.

Para resolver el problema del descenso gradiente de una RNN estándar, GRU utiliza, al igual que la LSTM utiliza puertas, pero utiliza solo dos:

- Puerta de actualización: Determina qué información pasada debe conservarse y pasar el futuro. Esta puerta permite copiar toda la información relevante del pasado, evitando así el problema del desvanecimiento del gradiente.
- Puerta de reinicio: Decide cuánta información pasada debe olvidarse. Se utiliza en el cálculo del contenido de la memoria actual para determinar qué información del pasado es relevante.

A continuación, en la Figura 9 se muestra la estructura de una celda GRU

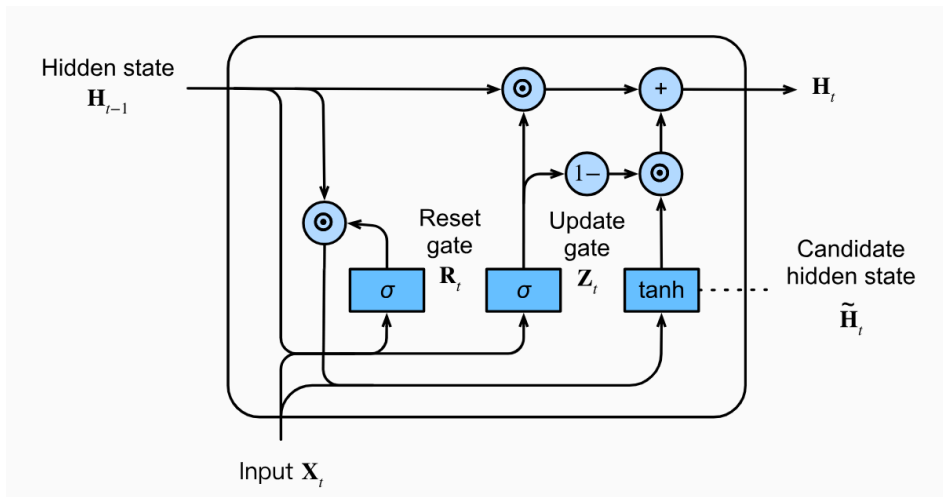


Figura 9. Estructura y Funcionamiento de una Celda GRU

## **3 Tecnologías empleadas**

### **3.1 Lenguaje de Programación – Python**

Python es uno de los lenguajes de programación más populares y ampliamente utilizados en el ámbito del análisis de datos y del aprendizaje automático. Debido a su extensa comunidad de desarrolladores está en constante evolución. Además, cuenta con una abundante cantidad de recursos y librerías.

### **3.2 Bibliotecas de Python**

A continuación, se listan las principales librerías utilizadas para la realización del proyecto.

#### **3.2.1 Pandas**

Pandas es una biblioteca de software escrita para el lenguaje de programación Python, ampliamente utilizada para la manipulación y el análisis de datos. Se construye sobre el paquete NumPy y proporciona estructuras de datos y operaciones para manipular tablas numéricas y series temporales.

#### **3.2.2 Scikit-time (sktime)**

Sktime es una biblioteca de Python diseñada específicamente para el análisis de series temporales. Esta biblioteca está construida sobre el ecosistema de scikit-learn y proporciona herramientas y algoritmos para una amplia gama de tareas relacionadas con las series temporales.

#### **3.2.3 Matplotlib**

Matplotlib es una biblioteca que sirve para la visualización de gráficos en 2D para Python. Es una de las bibliotecas más populares y es ampliamente utilizada para crear gráficos y visualizaciones en Python.

#### **3.2.4 Pytorch**

Pytorch es una biblioteca de aprendizaje profundo que ofrece una gran flexibilidad para construir y entrenar redes neuronales. PyTorch es

especialmente popular para el desarrollo de modelos de aprendizaje profundo, incluyendo redes neuronales convolucionales (CNN), redes neuronales recurrentes (RNN), y transformadores, entre otros. Una de las características destacadas de PyTorch es su soporte nativo y eficiente para CUDA, lo que permite la aceleración de cálculos en GPUs.

### **3.3 Entorno de Desarrollo – VSCode**

Visual Studio Code (VS Code) es un editor de código fuente desarrollado por Microsoft. Es software libre y multiplataforma, está disponible para Windows, GNU/Linux y macOS. VS Code tiene una buena integración con Git, cuenta con soporte para depuración de código, y dispone de un sinnúmero de extensiones, que básicamente te da la posibilidad de escribir y ejecutar código en cualquier lenguaje de programación.

Git es un sistema de control de versiones distribuido, diseñado para manejar todo tipo de proyectos con velocidad y eficiencia. Fue creado por Linus Torvalds en 2005 para el desarrollo del núcleo de Linux. En este proyecto se ha usado para ir creado *issues* con las tareas pendientes e ir subiendo los diferentes experimentos a Gitlab.

## 4 Desarrollo

### 4.1 Dataset SepsisExp

SepsisExp es un conjunto de datos [21] basado en información recogida por el Centro Médico Universitario de Mannheim, Alemania (UMM). Las series temporales de cuarenta y dos características para cada paciente se extrajeron del sistema Intellispace Critical Care and Anesthesia (ICCA) de Philips (Eindhoven, Países Bajos). Además de estas características, se cuenta con una característica demográfica, la edad, que se extrajo del sistema HIS de SAP (Walldorf, Alemania). Este conjunto de datos es de acceso abierto y puede encontrarse en el siguiente enlace <https://www.cl.uni-heidelberg.de/statnlpgroup/sepsisexp/> bajo la licencia Creative Commons Attribution 4.0 International (CC BY 4.0).

Las variables que tenemos se muestran en la Tabla 1 continuación:

Age	Arterial pH	Urine output	Procalcitonin (PCT)
Heart rate	Leukocytes	Blood glucose	$\Delta$ Temperature
Lactate	Bicarbonate	Stroke volume	Alanine transaminase
Creatinine	Base excess	Horowitz index	BUN/Creatinine ratio
Bilirubin	Lymphocytes	Partial CO <sub>2</sub>	Aspartate transaminase
Sodium	Net balance	Respiratory rate	Oxygenation saturation
Potassium	Quick score	Calcium (ionized)	C-reactive protein (CRP)
Hemoglobin	Systolic BP	Heart time volume	Respiratory minute volume
Chloride	Temperature	Oxygen saturation	Fraction of inspired O <sub>2</sub>
SVRI	Diastolic BP	Pancreatic lipase	Partial pressure art. O <sub>2</sub>
Mean BP	Thrombocytes	Blood urea nitrogen	

Tabla 1. Lista de las 43 características que tenemos en el conjunto de datos.

Como se ha comentado, en nuestro conjunto de datos cada paciente cuenta con una serie de 43 variables medidas a lo largo del tiempo. La Figura 10 muestra una representación tridimensional de estas series temporales. Cada una de las 43 líneas en la Figura corresponde a una variable diferente, medida cada media hora. El eje horizontal (eje x) representa el tiempo, medido en horas, y el eje vertical (eje y) representa el valor de cada variable.

La Figura 10 ilustra cómo, para cada paciente, podemos tener mediciones de estas 43 variables que varían en longitud de acuerdo con la duración del seguimiento de cada paciente. Además, se tiene la edad, como se considera que la edad es un factor importante ya que la incidencia de sepsis entre los mayores de 65 años es casi 13 veces mayor que en pacientes más jóvenes esta se incluye como serie temporal (constante) y se ha decidido mantenerla.

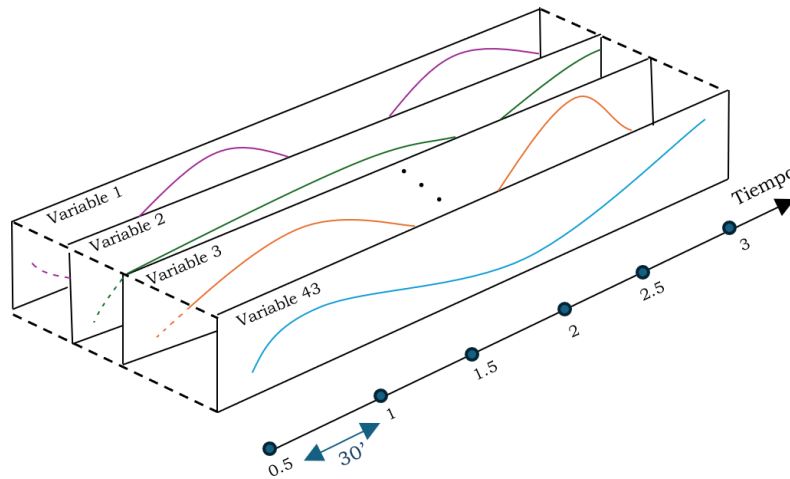


Figura 10. Representación tridimensional de las series temporales de variables medidas para cada paciente a lo largo del tiempo

Algunos pacientes pueden tener datos registrados durante varias semanas, mientras que otros pueden tener datos durante solo unas horas. Por lo tanto, para cada paciente tenemos esa estructura, y aunque entre pacientes puedan variar las diferentes longitudes de las series, todas las series pertenecientes a un mismo paciente tienen la misma longitud.

El conjunto de datos original está dividido en cuatro particiones y están disponibles en formato TSV, que es un tipo de documento para representar datos en forma de tabla, en las que las columnas se separan por tabulaciones y las filas por saltos de línea. Así, las series temporales se cargan en formato tabular. Además de las cuarenta y tres variables para cada paciente, se incluyen otras cuatro columnas adicionales:

- Id: es un identificador único para cada paciente
- Sepsis: Variable binaria que indica si el paciente tiene o no sepsis
- Severity: Variable categórica que indica que grado (o la ausencia) de sepsis en el paciente en ese instante
- Timestep: esta variable sirve para ordenar las series temporales. Va de 0.5 en 0.5 (0.5 porque es float, pero representa media hora) e indica el orden de los datos.

De esta forma, los datos de un paciente están ordenados primero por el id de dicho paciente y luego por la variable timestep, permitiendo así un análisis ordenado y cronológico de las diferentes variables (series temporales) de cada paciente.

Como se ha mencionado la sepsis es un concepto complejo con una amplia gama de síntomas y existen varias reglas para predecirla, como los criterios SIRS, aunque no son muy precisas. El problema es que si los datos son etiquetados son sepsis/no sepsis en función de estas reglas podríamos encontrarnos con el problema de la circularidad. Esto supondría que el modelo aprende las reglas con las que se han etiquetado los datos en vez de

las relaciones subyacentes entre los datos, si se diera este caso, no se mejoraría la precisión actual de predicción.

Por este motivo los datos han sido etiquetados mediante un cuestionario que recoge opiniones de expertos diariamente [22]. El cuestionario abarca varios aspectos de la práctica y se elaboró en colaboración con los médicos jefe de la UCI. El objetivo principal del cuestionario es recoger las opiniones de los expertos que a menudo se basan en conceptos clínicos complejos y que, por tanto, no se reflejan plenamente en las reglas existentes. Así, cada día los médicos fueron etiquetando los datos de los diferentes pacientes sin basarse únicamente en los criterios clínicos, sino que tuvieron en cuenta también su propia experiencia.

Los diagnósticos de trabajo se ponen en una escala de 5 puntos. En la Tabla 2 se muestran los diferentes valores y el diagnóstico asociado a cada clase.

<b>Valor</b>	<b>Diagnóstico</b>
0	Ni SIRS ni Sepsis
1	SIRS
2	Sepsis
3	Sepsis Severa
4	Shock séptico

*Tabla 2. Clases de la variable objetivo*

Al principio de la admisión, muchas mediciones clínicas no están disponibles. Dichas mediciones se establecen con valores predeterminados estándares definidos por un experto clínico. Para tener en cuenta los intervalos variables de las mediciones clínicas durante la estancia hospitalaria, se ha aplicado una estrategia de "*carry-forward*" donde el valor más reciente se "lleva adelante" hasta que esté disponible un nuevo valor.

Además, las series temporales han sido. Todos los valores están estandarizados y para ello se han calculado los puntajes  $z$  de la siguiente forma

$$z = \frac{x - \mu}{\sigma}$$

donde  $\mu$  es la media y  $\sigma$  es la desviación estándar del conjunto de datos

## 4.2 Preprocesado y entendimiento de los datos

Como se ha comentado, los datos ya están estandarizados, por lo que no se ha realizado ningún cambio adicional nada respecto a eso, ya que se considera adecuada esta práctica dado que cada característica ha sido medida en unidades diferentes. Además, se comprobó que no faltaran datos en el conjunto.

En cuanto a las series temporales son de diferente longitud, ya que reflejan el tiempo de estancia de cada paciente en la UCI con mediciones cada media hora. No todos los pacientes permanecen el mismo tiempo en la UCI. En la Figura 11 se muestra la distribución de los días de estancia de los pacientes mediante un diagrama de caja. En ella se puede ver que la media de días ingresados es de aproximadamente 9 a 10 días.

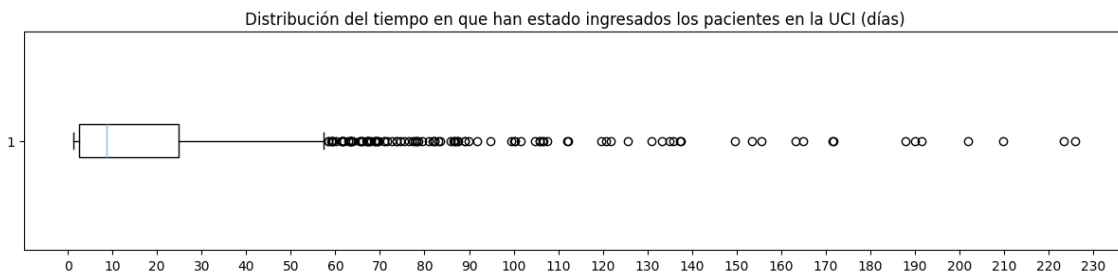


Figura 11. Diagrama de caja y bigotes del tiempo ingresado en la UCI de los pacientes

Como se observa en la Figura 12, la mediana del tiempo de ingreso es de aproximadamente 9 días. Sin embargo, se identifican numerosos datos atípicos que afectan esta mediana. Para un análisis más detallado, se ha

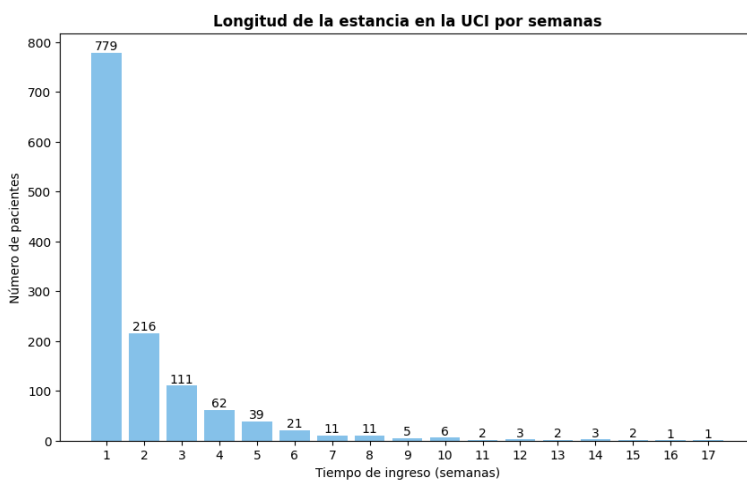


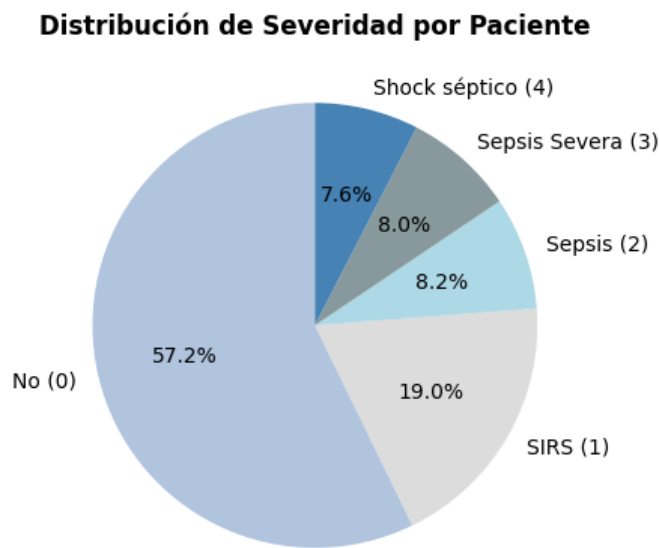
Figura 12. Número de pacientes en la UCI según la duración de la estancia (semanas)

calculado el número de pacientes ingresados por intervalos semanales: 1 semana (1 a 7 días), 2 semanas (8 a 14 días), y así sucesivamente.

Los resultados se presentan en la Figura 12. En esta figura, se puede apreciar que más de la mitad de los

pacientes han estado ingresados únicamente una semana.

En cuanto a la distribución de las etiquetas, se observó un desbalance significativo. Como se muestra en la Figura 13, la mayoría de los pacientes (57.2%) no desarrollan sepsis en ningún momento, y un 19% se consideran falsos positivos, es decir, las reglas indicaron sepsis, pero los médicos no lo confirmaron. Por lo tanto, un 76.2% de los pacientes no desarrollan sepsis en ningún momento. En contraste, solo el 23.8% de los pacientes desarrollan sepsis en algún momento durante su estancia en la UCI, en uno de los tres grados diferentes posibles.



*Figura 13. Categoría máxima alcanzada por cada paciente*

En cuanto a las características, cuarenta y tres características para cada paciente, teniendo en cuenta que son series temporales, se consideraron bastantes en un primer momento, por lo que se decidió intentar reducir la dimensión de los datos. Para ello se optó por utilizar la correlación entre las mismas. Aquellas que presentaran una correlación significativa, de haber alguna, serían eliminadas. Con este fin, se desarrolló una función que, a partir de un conjunto de datos, un porcentaje específico de pacientes y un umbral de correlación predefinido, identificara las características con una correlación absoluta superior a dicho umbral en el x% de los pacientes seleccionados.

Vamos a ilustrar un ejemplo utilizando tres variables, como se muestra en la Figura 14. Supongamos que tenemos datos de 100 pacientes y queremos identificar las variables que están correlacionadas con un coeficiente superior a 0.7 (en valor absoluto, ya que las correlaciones negativas también son relevantes) en el 90% de los pacientes.

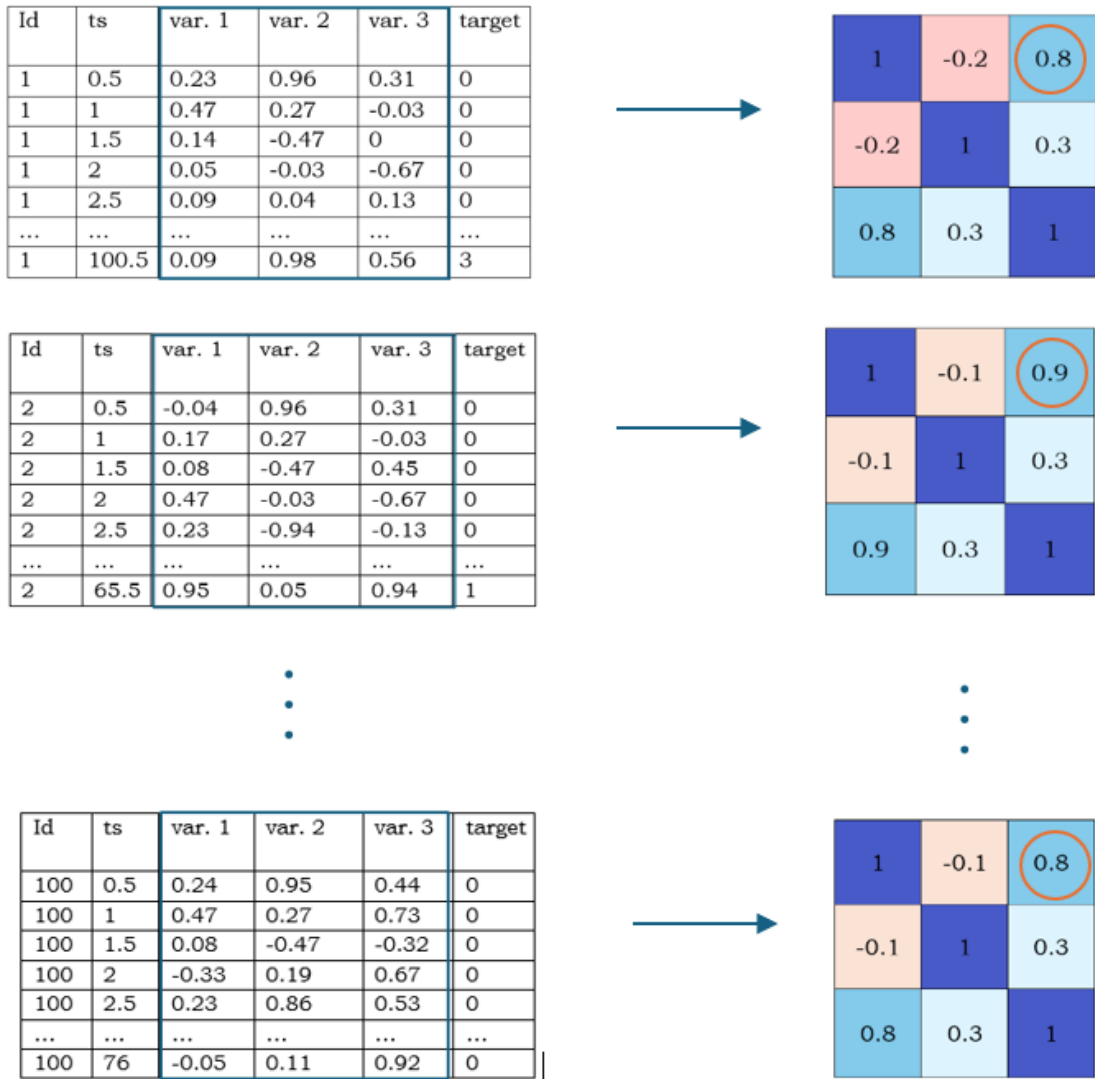


Figura 14. Ejemplo de Identificación de Correlaciones Significativas entre Variables en Series Temporales de Pacientes

Para realizar la reducción de dimensionalidad, primero dividimos el conjunto de datos original en una lista de *datasets*, donde cada *dataset* corresponde a un paciente diferente. A continuación, para cada uno de estos *datasets*, se genera una matriz de correlaciones. De este modo, obtenemos una lista de matrices de correlaciones.

Luego, verificamos si, para algún par de variables, al menos el 90% de los pacientes (90 pacientes) presentan una correlación superior a 0.7. En la imagen del ejemplo, si las variables var1 y var3 tienen valores de correlación similares a los mostrados para el 90% de los pacientes, dichas variables se identificarían como correlacionadas.

<b>Variable 1</b>	<b>Variable 2</b>	<b>Correlación</b>
diastolic_bp	mean_bp	0.9840044316647698
bicarbonato	base_excess	0.9832427988079968
mean_bp	systolic_bp	0.9726748304168955
diastolic_bp	systolic_bp	0.9241750363442072
alanine_transaminase	aspartate_transaminase	0.9422725241752105
partial_pressure_art_o2	horowitz_index	0.8345810496946193
respiratory_minute_volume	respiratory_rate	0.8852333691517225
heart_time_volume	stroke_volume	0.7515072312810206
svri	heart_time_volume	-0.860836619973

*Tabla 3. Variables con correlación absoluta mayor a 0.75 en el 90% de los pacientes*

Como se ve en la Tabla 3 `systolic_bp` tiene una correlación muy alta tanto con `mean_bp` como con `diastolic_bp` (0.98 y 0.97 respectivamente) vamos a prescindir de estas dos últimas, ya que se explican casi completamente con `systolic_bp`. Esto mismo pasa con `heart_time_volume`, está correlacionada tanto con `stroke_volume` como con `svri` (0.75 y -0.86 respectivamente), por lo que se ha decidido eliminar estas dos últimas que están suficientemente explicadas por `heart_time_volume`.

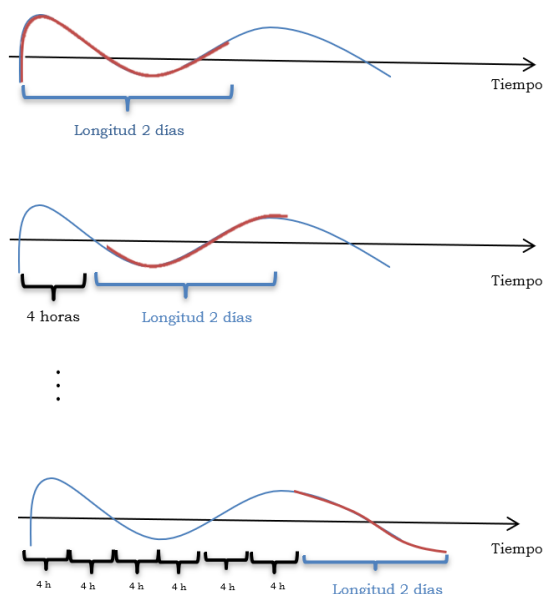
En cuanto a las demás variables nos hemos quedado con la que, de media, estaba menos relacionada con las demás variables. Por lo tanto, se va a trabajar con 34 variables tras haber eliminado las variables con correlaciones altas. A continuación, en la Tabla 4 se muestran las variables que han sido eliminadas

<code>mean_bp</code>	<code>diastolic_bp</code>	<code>stroke_volume</code>
<code>svri</code>	<code>bicarbonato</code>	<code>aspartate_transaminase</code>
<code>Partial_pressure_art_o2</code>	<code>respiratory_minute_rate</code>	

*Tabla 4. Variables eliminadas por alta correlación*

En cuanto a la longitud de las series temporales de los pacientes, como se ha comentado, tienen diferentes longitudes y no todos los algoritmos permiten la entrada de series temporales de longitudes variables. Es por esto por lo que se ha decidido crear varios modelos específicos para diferentes duraciones de ingreso en la UCI. En concreto, se han desarrollado seis modelos distintos, cada uno correspondiente a un periodo de ingreso en la UCI que varía desde dos hasta siete días.

Para entrenar y probar los diferentes modelos, se necesitaron conjuntos de datos específicos para cada duración de ingreso. En el caso del modelo de dos días, se utilizaron los datos de los dos a tres primeros días de cada paciente. Para ello, se eliminaron los datos de los pacientes que están ingresados menos de dos días (ninguno había padecido sepsis) y se tomaron series temporales de longitud de dos días (noventa y seis mediciones) entre los dos y tres primeros días de ingreso.



Para aumentar la cantidad de datos disponibles, se implementó la siguiente estrategia: se tomaron las primeras 48 horas de datos de un paciente ingresado. Luego, se generó otro conjunto de datos con un solapamiento de 44 horas, es decir, se inició el siguiente conjunto de datos 4 horas después del inicio del conjunto anterior. Esta técnica permitió crear múltiples series temporales por paciente, incrementando así el volumen de datos para el entrenamiento y la prueba de los modelos.

*Figura 15. Representación de Generación de Series Temporales para Diferentes Duraciones de Ingreso en la UCI*

Se implementa este proceso para todos los modelos, de modo que cuando los pacientes hayan estado dos días en la UCI, se le asignará al modelo de dos días hasta que llegue a los tres días de ingreso. En ese momento se le conectará al modelo entrenado con series temporales de longitud de tres días, y así sucesivamente hasta llegar al modelo de una semana. Aquellos pacientes que hayan estado más de una semana en la UCI serán asignados al último modelo disponible.

Es importante señalar que solo se crea un nuevo dato o serie temporal cuando alguna variable se ha actualizado respecto al timestamp anterior. Esto está relacionado con el objetivo del sistema, que en un entorno de tiempo real debe predecir una futura sepsis únicamente cuando se recibe nueva información del paciente. De esta manera, se asegura que las predicciones se basen en datos actualizados y relevantes, optimizando la capacidad de respuesta del sistema a cambios en el estado del paciente.

En la Tabla 5 se muestra el número de pacientes distinto que se ha usado para entrenar cada modelo, el número de series temporales y la longitud (es fija) de las series de cada modelo.

Días	2	3	4	5	6	7
N.º pacientes	813	725	652	599	547	497
N.º series temporales	3691	3317	3006	2749	2519	2334
Longitud de las series temporales	96	144	192	240	288	336

Tabla 5. Resumen del número de pacientes, series temporales y su longitud por días de ingreso en la UCI

En cuanto al objetivo, como se ha comentado antes, es la predicción temprana de sepsis, más específicamente entre 12 y 24 horas de antelación. Dado que los datos estaban etiquetados con el grado de sepsis que se presentaba en el momento de la medición hemos tenido que cambiar la forma en la que estaban etiquetados estos datos. Para ello lo que se ha hecho es asignar como etiqueta **el máximo grado de sepsis** que tiene el paciente en las 12/24 horas siguientes al momento de las medidas.

### 4.3 Modelos de clasificación de series temporales utilizados

esta sección se presentan los diferentes modelos de clasificación de series temporales que han sido objeto de experimentación. Su análisis detallado se realizará en secciones posteriores

#### 4.3.1 Bagging de ROCKETs

Uno de los métodos que se ha usado para la clasificación de series temporales ha sido un ensemble bagging explicado antes (en el apartado 2.4) y se ha usado como clasificador base el método ROCKET (apartado 2.6). De esta forma, tenemos varios clasificadores Rocket que se han entrenado con subconjuntos del conjunto original de datos y la predicción final será la que hayan hecho la mayoría de los estimadores de forma individual.

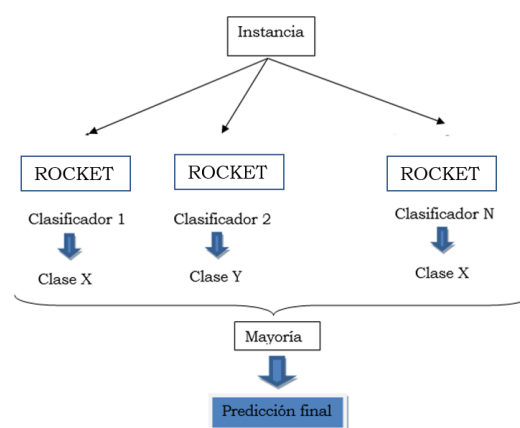


Figura 16. Esquema de Bagging de ROCKET

En las diferentes ejecuciones se ha variado tanto el número de kernels del conjunto de estimadores base, como el número de estimadores.

### 4.3.2 Arsenal

Arsenal [23] es un clasificador de series temporales que, al igual que el bagging tradicional, combina múltiples transformaciones ROCKET para realizar la clasificación. Sin embargo, Arsenal usa como clasificador lineal la regresión de cresta con validación cruzada para cada una de las transformaciones.

Durante el entrenamiento de los diferentes clasificadores en Arsenal, se asigna una ponderación a cada estimador base según su capacidad predictiva individual, determinada mediante la validación cruzada. Por lo tanto, cuando se realiza la predicción de la clase final para una nueva instancia, esta predicción se pondera según el rendimiento de los clasificadores durante el entrenamiento, en lugar de simplemente seguir la mayoría, como ocurre en el caso del bagging convencional.

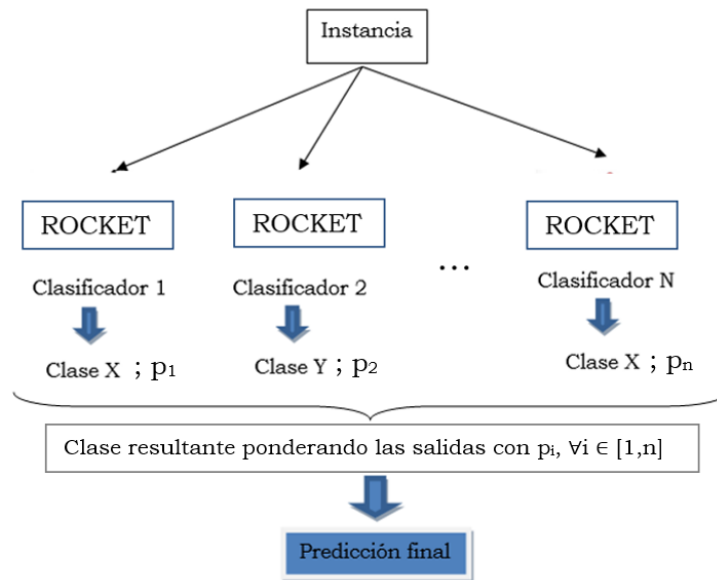


Figura 17. Esquema de Bagging de ARSENAL

En las diferentes ejecuciones se ha variado tanto el número de *kernels* del conjunto de estimadores base como el número de estimadores.

### 4.3.3 GRU

La Red Recurrente diseñada para los experimentos es una red básica. Se compone de dos capas diferentes:

- Capa GRU: Como se ha mencionado antes (apartado 2.8) las GRU son un tipo de red neuronal diseñadas para manejar datos secuenciales. Además, es más simple y computacionalmente más eficiente que la LSTM.
- Capa Completamente Conectada: esta capa es una capa densa que toma la salida final de la GRU y la transforma en la predicción final con el tamaño de número de clases que tenemos

Los parámetros que se han editado para los diferentes modelos son la dimensión oculta y el número de capas.

La dimensión oculta se refiere al tamaño del vector que almacena el estado oculto en cada paso temporal de la secuencia. Una mayor dimensión permite capturar más características y patrones complejos en los datos.

En cuanto al número de capas, se refiere a la cantidad de capas GRU del modelo. Cada capa permite capturar características de nivel superior y mayor complejidad de los datos. Más capas permiten a la red capturar dependencias temporales más profundas, pero aumentan la complejidad y el tiempo de entrenamiento.

#### 4.3.4 LSTM-FCN

El modelo LSTM-FCN [24] está compuesto por dos bloques principales: un bloque convolucional y un bloque de LSTM. El bloque convolucional se utiliza para extraer características temporales, mientras que el bloque LSTM maneja las dependencias a largo plazo de las series temporales. Para adaptar estos modelos a series temporales multivariadas, se modifica la entrada del modelo para aceptar múltiples variables por paso de tiempo.

##### Bloque LSTM

El LSTM maneja la secuencia temporal mediante una serie de cálculos iterativos en cada paso de tiempo. El estado de la memoria y el estado oculto se actualizan según las siguientes ecuaciones:

$$\begin{aligned}
 g_u &= \sigma(W_u h_{t-1} + I_u x_t) \\
 g_f &= \sigma(W_f h_{t-1} + I_f x_t) \\
 g_o &= \sigma(W_o h_{t-1} + I_o x_t) \\
 g_c &= \tanh(W_c h_{t-1} + I_c x_t) \\
 m_t &= g_f \odot m_{t-1} + g_u \odot g_c \\
 h_t &= \tanh(g_o \odot m_t)
 \end{aligned}$$

donde  $g_u$ ,  $g_f$ ,  $g_o$  y  $g_c$  son los vectores de activación de las puertas de entrada, olvido, salida y celda, respectivamente.  $m_t$  es el vector de memoria y  $h_t$  es el vector oculto.

##### Bloque Convolucional y Squeeze-and-Excitation

El bloque convolucional se compone de varias capas convolucionales seguidas de capas de normalización por lotes y funciones de activación ReLU. Además, se incorpora un bloque de squeeze-and-excitation que recalibra adaptativamente los mapas de características mediante las siguientes operaciones:

$$\begin{aligned}
 z_c &= Fsq(u_c) = \frac{1}{T} \sum_{t=1}^T u_c(t) \\
 s &= Fex(z, W) = \sigma(W_2 \delta(W_1 z)) \\
 \tilde{x}_c &= Fscale(u_c, s_c) = s_c \cdot u_c
 \end{aligned}$$

La principal innovación del modelo LSTM-FCN respecto a las LSTM tradicionales está en que se integra un bloque convolucional y un bloque de squeeze-and-excitation. El bloque convolucional realiza la extracción de características temporales, mientras que el bloque de squeeze-and-excitation

recalibra adaptativamente los mapas de características, mejorando la capacidad del modelo para capturar dependencias complejas entre las múltiples variables de la serie temporal. Esto resulta en una mayor precisión y eficiencia en la clasificación de series temporales multivariadas.

Los parámetros que se han variado han sido el número de épocas, el *batch size* y el *drop out*.

## 5 Resultados

### 5.1 Ponderación de los resultados

Las métricas utilizadas para evaluar los diferentes modelos están ponderadas y se explicarán a continuación. Esta decisión se debe a la naturaleza ordinal de las categorías de diagnóstico. En este contexto, es importante considerar que los errores de clasificación no tienen el mismo impacto en todos los casos. Por ejemplo, clasificar incorrectamente a un paciente que va a desarrollar un shock séptico (clase 4) como si no tuviera ningún problema (clase 0) es un error mucho más grave que clasificarlo como si tuviera sepsis severa (clase 3), ya que hablamos en términos de salud. Esta diferencia en la gravedad de los errores debe reflejarse en las métricas de evaluación utilizadas para comparar los modelos.

A continuación, se explicará cómo se han ponderado las distancias entre las clases para reflejar adecuadamente estas diferencias en la gravedad de los errores de clasificación.

Para calcular las métricas con las que valoraremos el rendimiento del modelo necesitaremos calcular:

- Verdaderos Positivos (TP)
- Falsos negativos (FN)
- Falsos Positivos (FP)

Dado que la matriz de confusión resultante será de 5x5, calcularemos esto por clase de la siguiente manera:

Por ejemplo, para la clase 0, tomando como referencia la matriz de confusión de la Figura 18, los Verdaderos Positivos serían 10, es decir, los que el modelo ha predicho como clase 0 y realmente son clase 0.

		Predicho					
		0	1	2	3	4	
Real	0	10	12	3	4	1	0
	1	1	11	0	1	0	1
	2	0	1	2	0	1	2
	3	2	4	1	7	0	3
	4	7	2	0	0	3	4

Figura 18. Matriz de confusión de ejemplo

En cuanto a los Falsos Negativos, es decir, los que el modelo ha predicho en otra clase, pero realmente son clase 0 (se ve a la izquierda de la Figura X), ya están las ponderaciones. Si la diferencia de clases es de 1, en vez de considerarse el error absoluto, es decir, el valor de 12 clasificaciones se va a ponderar por 0.25 (esto hará más pequeño el denominador luego de las métricas utilizadas y serán más altas que si se considerara entero). En cambio, si se clasifica como clase 2, hay 3 sujetos falsos negativos en clase 2 que

son clase 0, se ponderará por 0.5. Si se clasifica como clase 3 (hay 4), se multiplica por 0.75 y si se clasifica como clase 4, se deja entero.

Para las demás clases se toman las mismas ponderaciones basadas en la diferencia de clases, tal que, si la diferencia es 1, se ponderará por 0.25. Si tuviéramos que evaluar la clase 1, la ponderación de clasificar como 0 y 2 sería la misma (0.25).

Para los Falsos Positivos se sigue el mismo procedimiento.

Predicho				
0	1	2	3	4
10	12	3	4	1
1	11	0	1	0
0	1	2	0	1
2	4	1	7	0
7	2	0	0	3

Predicho				
0	1	2	3	4
10	12	3	4	1
1	11	0	1	0
0	1	2	0	1
2	4	1	7	0
7	2	0	0	3

Predicho				
0	1	2	3	4
10	12	3	4	1
1	11	0	1	0
0	1	2	0	1
2	4	1	7	0
7	2	0	0	3

Figura 19. Ejemplo de Matrices de Confusión para el Cálculo de TP, FN, y FP con Ponderación de Errores por Clase para la Clase 0

- **Verdaderos Positivos (TP):** 10 (Predicho 0 y Real 0)
- **Falsos Negativos (FN):**
  - Predicho 1 y Real 0:  $12 \times 0.25 = 3$
  - Predicho 2 y Real 0:  $3 \times 0.5 = 1.5$
  - Predicho 3 y Real 0:  $4 \times 0.75 = 3$
  - Predicho 4 y Real 0: 1 (se deja entero)

Aplicando estas ponderaciones, el cálculo de FN para la clase 0 se ajusta para reflejar las diferencias en la gravedad de los errores de clasificación.

Este mismo procedimiento se repite para las demás clases, asegurando que las ponderaciones reflejen adecuadamente la gravedad de los errores en función de la diferencia de clases.

## 5.2 Métricas empleadas para evaluar el modelo

A continuación, se explican las métricas empleadas para la evaluación y comparación de los diferentes modelos

### 5.2.1 Precisión

La precisión es una métrica que da información sobre la proporción de verdaderos positivos (TP) entre todas las instancias que el modelo ha etiquetado como positivas. Se utiliza para saber qué porcentaje de valores que se han clasificado como positivos son realmente positivos. La precisión varía sus valores entre cero y uno, significando cero que ninguna predicción positiva es correcta y uno que todas las predicciones positivas son correctas.

$$\text{Precisión} = \frac{TP}{TP + FP}$$

### 5.2.2 Sensibilidad

La sensibilidad del modelo se refiere a la proporción de verdaderos positivos (TP) entre todas las instancias que realmente eran positivas. Mide la capacidad del modelo para encontrar todas las instancias positivas. La precisión varía sus valores entre cero y uno, significando cero que el modelo es incapaz de detectar instancias positivas y uno que predice todas las instancias positivas.

$$\text{Sensibilidad} = \frac{TP}{TP + FN}$$

### 5.2.3 F1 – Score

Ambas métricas explicadas anteriormente son importantes y muchas veces hay un compromiso entre ellas. Por eso, es útil en algunos casos considerar una métrica combinada como el F1-Score, que es la media armónica de la precisión y la sensibilidad.

$$F1 = \frac{2 * \text{Precisión} * \text{Sensibilidad}}{\text{Precisión} + \text{Sensibilidad}}$$

En este trabajo, las métricas no se calculan simplemente como positivos/negativos, sino en términos de predicciones de clase. Para evaluar adecuadamente el rendimiento del modelo, se han aplicado ponderaciones a las distancias entre las clases para reflejar las diferencias en la gravedad de los errores de clasificación. Posteriormente, se ha calculado la media de estas métricas a través de todas las clases, asegurando una evaluación justa y equilibrada del modelo.

## 5.3 Mejores resultados por días y modelo

Para los cuatro modelos explicados anteriormente se han realizado diferentes experimentos en los que se han ido probando diferentes hiperparámetros, a continuación, se muestran los mejores resultados de los experimentos por día y modelo empleados. Para todos los modelos se ha usado un 75% de los datos para el entrenamiento y un 25% para la prueba.

### 5.3.1 Modelo dos días

Para los modelos que se van a emplear para los pacientes ingresados entre dos y tres días los experimentos que han tenido mejor F1-Score se muestran en la Tabla 6.

	<b>Precisión</b>	<b>Recall</b>	<b>F1-Score</b>
<b>Arsenal</b>	0.600	0.569	0.584
<b>Bagging</b>	0.322	0.304	0.312
<b>GRU</b>	0.503	0.479	0.491
<b>LSTM-FCN</b>	0.960	0.999	<b>0.979</b>

*Tabla 6. Comparación de Desempeño de Modelos para Pacientes con Ingreso de Dos a Tres Días en la UCI*

### 5.3.2 Modelo tres días

Para los modelos que se van a emplear para los pacientes ingresados entre tres y cuatro días los experimentos que han tenido mejor F1-Score se muestran en la Tabla 7.

	<b>Precisión</b>	<b>Recall</b>	<b>F1-Score</b>
<b>Arsenal</b>	0.600	0.569	0.584
<b>Bagging</b>	0.424	0.289	0.344
<b>GRU</b>	0.553	0.553	0.553
<b>LSTM-FCN</b>	0.971	0.983	<b>0.977</b>

*Tabla 7. Comparación de Desempeño de Modelos para Pacientes con Ingreso de Tres a Cuatro Días en la UCI*

### 5.3.3 Modelo cuatro días

Para los modelos que se van a emplear para los pacientes ingresados entre cuatro y cinco días los experimentos que han tenido mejor F1-Score se muestran en la Tabla 8.

	<b>Precisión</b>	<b>Recall</b>	<b>F1-Score</b>
<b>Arsenal</b>	0.664	0.755	0.707
<b>Bagging</b>	0.395	0.389	0.392
<b>GRU</b>	0.503	0.479	0.491
<b>LSTM-FCN</b>	0.992	0.995	<b>0.994</b>

*Tabla 8. Comparación de Desempeño de Modelos para Pacientes con Ingreso de Cuatro a Cinco Días en la UCI*

### 5.3.4 Modelo cinco días

Para los modelos que se van a emplear para los pacientes ingresados entre cinco y seis días los experimentos que han tenido mejor F1-Score se muestran en la Tabla 9.

	<b>Precisión</b>	<b>Recall</b>	<b>F1-Score</b>
<b>Arsenal</b>	0.728	0.751	0.740
<b>Bagging</b>	0.307	0.250	0.276
<b>GRU</b>	0.579	0.549	0.563
<b>LSTM-FCN</b>	0.795	0.790	<b>0.792</b>

*Tabla 9. Comparación de Desempeño de Modelos para Pacientes con Ingreso de Cinco a Seis Días en la UCI*

### 5.3.5 Modelo seis días

Para los modelos que se van a emplear para los pacientes ingresados entre cinco y seis días los experimentos que han tenido mejor F1-Score se muestran en la Tabla 10.

	<b>Precisión</b>	<b>Recall</b>	<b>F1-Score</b>
<b>Arsenal</b>	0.685	0.758	0.720
<b>Bagging</b>	0.342	0.448	0.388
<b>GRU</b>	0.647	0.604	0.625
<b>LSTM-FCN</b>	0.974	0.944	<b>0.959</b>

*Tabla 10. Comparación de Desempeño de Modelos para Pacientes con Ingreso de Seis a Siete Días en la UCI*

### 5.3.6 Modelo una semana

Para los modelos que se van a emplear para los pacientes ingresados entre cinco y seis días los experimentos que han tenido mejor F1-Score se muestran en la Tabla 11.

	<b>Precisión</b>	<b>Recall</b>	<b>F1-Score</b>
<b>Arsenal</b>	0.714	0.744	0.729
<b>Bagging</b>	0.354	0.390	0.371
<b>GRU</b>	0.604	0.565	0.584
<b>LSTM-FCN</b>	0.966	0.958	<b>0.962</b>

*Tabla 11. Comparación de Desempeño de Modelos para Pacientes con Ingreso de una Semana o más.*

## 6 Validación del Modelo con Paciente Simulado

Con los modelos que han mostrado los mejores resultados y utilizando los hiperparámetros óptimos, se ha llevado a cabo una validación adicional. Para ello hemos seleccionamos un paciente aleatorio que permaneció más de una semana en la UCI y se ha excluido del conjunto de datos original. Posteriormente, los modelos se reentrenaron utilizando el 75% de los datos restantes por si se había visto durante el entrenamiento. El objetivo era probar el desempeño del modelo en una simulación con el paciente excluido.

Para esta prueba, las series temporales se obtuvieron cada media hora, a diferencia del conjunto de prueba anterior. Si un valor de una variable se actualizaba, considerábamos una nueva serie temporal y la añadíamos al conjunto de datos. Este enfoque busca imitar el proceso real que se pretende implementar en los hospitales. Para evaluar el modelo de predicción de dos días, se utilizaron los datos de los primeros 2-3 días del paciente. De igual manera, para el modelo de tres días se utilizaron los primeros 3-4 días, y así sucesivamente hasta completar una semana. Las predicciones se realizaron cada media hora, siempre que hubiese una actualización en alguna de las variables.

Los resultados obtenidos para el primer modelo mostraron una precisión y sensibilidad de 1, indicando que todas las predicciones fueron correctas. El modelo predijo correctamente que en 11 de las series temporales el paciente no iba a tener sepsis (etiqueta 0), y después predijo correctamente la aparición de sepsis (etiqueta 2).

Para el segundo modelo, el modelo también tuvo una precisión y una sensibilidad de 1. Predijo correctamente que durante las 11 primeras mediciones el paciente continuaría con sepsis, y luego, que en las mediciones posteriores el paciente desarrollaría sepsis severa (etiqueta 3).

El tercer modelo predijo correctamente que todas las series temporales, en cualquier momento dentro de las 12-24 horas siguientes, indicarían sepsis severa, etiquetando todas como tal (etiqueta 3).

El modelo de longitud 5 días, sin embargo, no acertó en las predicciones, obteniendo una precisión y sensibilidad de 0. En 12 casos, el modelo predijo sepsis cuando el paciente realmente no tenía sepsis (clase 1) y en 34 casos predijo sepsis severa cuando el paciente tenía sepsis (predicción 3 en lugar de 2). Aunque esta última no es tan grave ya que se trata de manera similar la sepsis y la sepsis severa, la primera predicción podría hacer que el médico decidiera no tratar al paciente con antibióticos. Este modelo necesita ajustes adicionales ya que fue el que peor resultados obtuvo.

Los dos siguientes modelos predijeron correctamente sepsis (etiqueta 2) para todas las series temporales restantes, logrando una precisión y sensibilidad de 1.

## 7 Conclusiones

A partir de los resultados anteriores obtenidos anteriormente podemos sacar diferentes conclusiones.

En cuanto al desempeño de los modelos, el modelo LSTM-FCN demuestra ser superior a los otros tres en todas las métricas usadas para comparar su rendimiento, así como para todos los días diferentes. Además, se ve que el método Arsenal tiene un mejor rendimiento con series temporales de mayor longitud. En cuanto a las GRU y al Bagging de ROCKETS, tienen una precisión y sensibilidad mayor al azar, ya que es una clasificación con 5 clases objetivo, pero su rendimiento es bastante pobre comparado con los otros obtenidos.

En cuanto al coste computacional, la LSTM-FCN es computacionalmente más costosa que los otros modelos, pero su alta precisión y fiabilidad justifican la inversión en recursos computacionales adicionales. La implementación en un entorno clínico real requeriría una evaluación de la infraestructura tecnológica disponible en los hospitales, pero la mejora significativa en la precisión del diagnóstico hace que este esfuerzo sea valioso. Integrar LSTM-FCN con sistemas existentes sería clave para su adopción exitosa.

El modelo LST-FCM sería el seleccionado para incorporar en el sistema construido. Aunque debería probarse de manera prospectiva, en tiempo real, con datos de otros hospitales para ver si los resultados obtenidos se mantienen, teniendo en cuenta su reentrenamiento y ajuste previo, ya que la propia distribución demográfica y variabilidad de los pacientes de cada hospital influye. Pero con los resultados obtenidos, se demuestra la viabilidad de implementarlo en hospitales.

## **8 Trabajo futuro**

Como trabajo futuro, podría considerarse probar los modelos con mejor rendimiento (las LST-FCN) con pacientes de otros hospitales para evaluar si se mantiene el mismo nivel de precisión y sensibilidad, y ajustar dichos modelos en función de los resultados obtenidos en cada centro. Para ello, sería necesario colaborar con médicos y/o personal médico para poder obtener retroalimentación y mejorar el modelo de manera continua para cada hospital.

Una vez se viera que el modelo funciona en un hospital, se podría desarrollar una interfaz de usuario para médicos o personal de salud encargado de los pacientes en la UCI. Esta interfaz facilitaría la interpretación de los resultados y la implementación de un sistema de alertas eficiente. Para ello, sería necesario integrar los modelos predictivos con los sistemas informáticos hospitalarios para asegurar su facilidad de uso y efectividad.

Otra línea de investigación futura que se propone es probar el conjunto de datos con series temporales actualizadas cada media hora. Esto permitiría que las alertas se generen cada media hora en lugar de cada ocho horas.

## 9 Análisis de impacto

El impacto social de una mejora en la predicción y detección temprana de la sepsis es considerable. La sepsis es una causa importante de mortalidad y morbilidad en todo el mundo. Reducir la incidencia y gravedad de esta condición a través de diagnósticos más precisos puede salvar vidas y mejorar la salud pública en general. La implementación de esta tecnología en hospitales podría servir como un modelo para otros centros de salud, fomentando un cambio positivo a nivel comunitario y social

Económicamente, los beneficios de la detección temprana de la sepsis son significativos. Como se ha comentado en la introducción, los costes asociados con el tratamiento de sepsis severa son elevados. La reducción de estos costes mediante un diagnóstico precoz y tratamiento oportuno puede liberar recursos que se pueden destinar a otras áreas de la atención sanitaria. Además, una reducción en la tasa de mortalidad y morbilidad asociada con la sepsis puede traducirse en una menor pérdida de productividad y una menor carga económica para la sociedad en general.

El proyecto está directamente relacionado con el Objetivo de Desarrollo Sostenible 3 [24], el cual busca garantizar una vida sana y promover el bienestar para todos en todas las edades. La predicción precisa de sepsis en pacientes hospitalizados tiene el potencial de salvar vidas y mejorar la calidad de la atención médica, contribuyendo significativamente a este objetivo. Al mejorar la precisión en el diagnóstico y reducir la mortalidad y morbilidad asociadas con la sepsis, se está promoviendo una atención médica más eficaz.

## Referencias

- [1] “La mortalidad por la sepsis se puede reducir en un 20 por ciento”, Navarra.es. [En línea]. Disponible en: <https://www.navarra.es/es/noticias/2019/09/13/la-mortalidad-por-la-sepsis-se-puede-reducir-en-un-20-por-ciento>
- [2] “Sepsis”, Paho.org. [En línea]. Disponible en: <https://www.paho.org/es/temas/sepsis>.
- [3] E. S. Corada, “Diagnosticar precozmente la sepsis reduce la mortalidad hasta un 25%”, La Razón, 28-ene-2022. [En línea]. Disponible en: <https://www.larazon.es/salud/20220128/tut74rxxgrgcnnbo5aq7vx4wpi.html>.
- [4] “Sepsis”, Who.int. [En línea]. Disponible en: <https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/sepsis>.
- [5] C. de Madrid, “El Hospital Clínico reduce la mortalidad de pacientes con sepsis gracias a una atención temprana”, Hospital Clínico San Carlos, 13-sep-2018. [En línea]. Disponible en: <https://www.comunidad.madrid/hospital/clinicosancarlos/noticia/hospital-clinico-reduce-mortalidad-pacientes-sepsis-gracias-atencion-temprana>.
- [6] J. Iñigoa, Ed., “Epidemiología y costes de la sepsis grave en Madrid. Estudio de altas hospitalarias”, en Medicina Intensiva, 2006.
- [7] M. Merlán Martínez, E. Ferrer Aguilar, y M. González Morel, “Relación entre el diagnóstico precoz y la mortalidad por sepsis: nuevos conceptos”, Medicentro (Villa Cl.), vol. 25, núm. 2, pp. 265–290, 2021.
- [8] “SPSS statistics subscription - classic”, Ibm.com, 04-ago-2023. [En línea]. Disponible en: <https://www.ibm.com/docs/es/spss-statistics/saas?topic=forecasting-introduction-time-series>.
- [9] T. Jiang, J. L. Gradus, y A. J. Rosellini, “Supervised machine learning: A brief primer”, Behav. Ther., vol. 51, núm. 5, pp. 675–687, 2020.
- [10] (Redirected from Recurrent neural network) Post-publication activity Curator: Stephen Grossberg Dr. Stephen Grossberg, vol. 8. Boston University, MA, 2013.

- [11] D. Sutton, “Classification and regression trees, bagging, and boosting”, en Handbook of Statistics, Elsevier, 2005, pp. 303–329.
- [12] Y. Le Cun Leon Bottou Yoshua Bengio y P. Haner, “GradientBased learning applied to document recognition”, Stanford.edu. [En línea]. Disponible en: [http://vision.stanford.edu/cs598\\_spring07/papers/Lecun98.pdf](http://vision.stanford.edu/cs598_spring07/papers/Lecun98.pdf)..
- [13] “05.7 Redes Neuronales Convoluciones — Introducción al Aprendizaje Automático”, Upm.es. [En línea]. Disponible en: [https://dcain.etsin.upm.es/~carlos/bookAA/05.7\\_RRNN\\_Convoluciones\\_CIFAR\\_10\\_INFORMATIVO.html](https://dcain.etsin.upm.es/~carlos/bookAA/05.7_RRNN_Convoluciones_CIFAR_10_INFORMATIVO.html).
- [14] “ROCKET: exceptionally fast and accurate time series classification using random convolutional kernels Published: 13”, vol. 34, pp. 1454–1495, 2020.
- [15] A. E. Hoerl y R. W. Kennard, “Ridge regression: Biased estimation for nonorthogonal problems”, Technometrics, vol. 42, núm. 1, p. 80, 2000.
- [16] M. Lin, Q. Chen, y S. Yan, “Network In Network”, arXiv [cs.NE], 2013.
- [17] A. Maxime, A. Léon, y A. Ivan, %0 Journal Article %T Is object localization for free? - Weakly-supervised learning with convolutional neural networks.
- [18] Y.-L. a. Ponce y A. Jean, %0 Conference Proceedings %T A Theoretical Analysis of Feature Pooling in Visual Recognition %A Boureau.
- [19] S. Hochreiter y J. Schmidhuber, “Long short-term memory”, Neural Comput., vol. 9, núm. 8, pp. 1735–1780, 1997.
- [20] J. Chung, C. Gulcehre, K. Cho, y Y. Bengio, “Empirical evaluation of gated recurrent neural networks on sequence modeling”, arXiv [cs.NE], 2014
- [21] Ensembling Neural Networks for Improved Prediction and Privacy in Early Diagnosis of Sepsis Shigehiko Schamoni. .
- [22] A. Lindner et al., “Ground truth labels challenge the validity of sepsis consensus definitions in critical illness”, J. Transl. Med., vol. 20, núm. 1, 2022.

- [23] “Arsenal — sktime documentation”, Sktime.net. [En línea].  
Disponible en:  
[https://www.sktime.net/en/v0.20.1/api\\_reference/auto\\_generated/sktime.classification.kernel\\_based.Arsenal.html](https://www.sktime.net/en/v0.20.1/api_reference/auto_generated/sktime.classification.kernel_based.Arsenal.html).
- [24] Karim, S. Majumdar, y H. Darabi, “Insights into LSTM fully convolutional networks for time series classification”, arXiv [cs.LG], 2019.
- [25] United Nations, “Objetivo 3—Los Objetivos de Desarrollo Sostenible y un 2030 más saludable | Naciones Unidas”.



## ORIGINALITY REPORT

---

23%

SIMILARITY INDEX

21%

INTERNET SOURCES

5%

PUBLICATIONS

12%

STUDENT PAPERS

---

## PRIMARY SOURCES

---

1	<a href="https://repositorio.unac.edu.pe">repositorio.unac.edu.pe</a> Internet Source	1%
2	Submitted to Universidad Politécnica de Madrid Student Paper	1%
3	<a href="http://www.navarrainformacion.es">www.navarrainformacion.es</a> Internet Source	1%
4	<a href="http://dcain.etsin.upm.es">dcain.etsin.upm.es</a> Internet Source	1%
5	<a href="http://medintensiva.elsevier.es">medintensiva.elsevier.es</a> Internet Source	1%
6	Submitted to Universidad Internacional de la Rioja Student Paper	1%
7	<a href="http://patents.google.com">patents.google.com</a> Internet Source	1%
8	Submitted to Infile Student Paper	1%
9	Submitted to Universidad de Guayaquil	

Student Paper

1 %

10

[seib.org.es](http://seib.org.es)

Internet Source

1 %

11

[1library.co](http://1library.co)

Internet Source

1 %

12

Submitted to Universidad Catolica San Antonio de Murcia

Student Paper

1 %

13

[www.consalud.es](http://www.consalud.es)

Internet Source

1 %

14

[cordopolis.eldiario.es](http://cordopolis.eldiario.es)

Internet Source

<1 %

15

[sedici.unlp.edu.ar](http://sedici.unlp.edu.ar)

Internet Source

<1 %

16

[rraae.cedia.edu.ec](http://rraae.cedia.edu.ec)

Internet Source

<1 %

17

Submitted to Universidad TecMilenio

Student Paper

<1 %

18

[torres.ai](http://torres.ai)

Internet Source

<1 %

19

[assets.nacion.com](http://assets.nacion.com)

Internet Source

<1 %

20

[link.springer.com](http://link.springer.com)

Internet Source

<1 %

21

[rua.ua.es](http://rua.ua.es)

Internet Source

<1 %

22

[oa.upm.es](http://oa.upm.es)

Internet Source

<1 %

23

Submitted to Universidad Francisco de Vitoria

Student Paper

<1 %

24

[ts7260.blogspot.com](http://ts7260.blogspot.com)

Internet Source

<1 %

25

Submitted to BENEMERITA UNIVERSIDAD  
AUTONOMA DE PUEBLA BIBLIOTECA

Student Paper

<1 %

26

[www.npunto.es](http://www.npunto.es)

Internet Source

<1 %

27

[repositorio.ufpb.br](http://repositorio.ufpb.br)

Internet Source

<1 %

28

[www.researchgate.net](http://www.researchgate.net)

Internet Source

<1 %

29

[makeitrealcamp.gitbook.io](http://makeitrealcamp.gitbook.io)

Internet Source

<1 %

30

Submitted to Universidad de Valladolid

Student Paper

<1 %

31

Submitted to Universidad Carlos III de Madrid

Student Paper

<1 %

32

Submitted to Universidad de Burgos UBUCEV

Student Paper

<1 %

33

docplayer.es

Internet Source

<1 %

34

memorias.somib.org.mx

Internet Source

<1 %

35

www.coursehero.com

Internet Source

<1 %

36

www.yumpu.com

Internet Source

<1 %

37

opencivilengineeringjournal.com

Internet Source

<1 %

38

unividafulp.edu.co

Internet Source

<1 %

39

Submitted to National College of Ireland

Student Paper

<1 %

40

dspace.unach.edu.ec

Internet Source

<1 %

41

www.index-f.com

Internet Source

<1 %

42

hdl.handle.net

Internet Source

<1 %

43	<a href="http://proceedings.mlr.press">proceedings.mlr.press</a> Internet Source	<1 %
44	<a href="http://www.ewsn.org">www.ewsn.org</a> Internet Source	<1 %
45	<a href="http://www.revistadisena.uc.cl">www.revistadisena.uc.cl</a> Internet Source	<1 %
46	<a href="http://www.slideshare.net">www.slideshare.net</a> Internet Source	<1 %
47	Submitted to Imperial College of Science, Technology and Medicine Student Paper	<1 %
48	<a href="http://vsip.info">vsip.info</a> Internet Source	<1 %
49	Submitted to Pontificia Universidad Javeriana Cali Student Paper	<1 %
50	Submitted to Universitat Politècnica de València Student Paper	<1 %
51	<a href="http://bibliotecadigital.fgv.br">bibliotecadigital.fgv.br</a> Internet Source	<1 %
52	<a href="http://docta.ucm.es">docta.ucm.es</a> Internet Source	<1 %
53	<a href="http://educalingo.com">educalingo.com</a> Internet Source	<1 %

54	<a href="http://repositorio.ucv.edu.pe">repositorio.ucv.edu.pe</a> Internet Source	<1 %
55	<a href="http://www.elsevier.es">www.elsevier.es</a> Internet Source	<1 %
56	Submitted to Centro Europeo de Postgrado - CEUPE Student Paper	<1 %
57	Submitted to Universidad de Nebrija Student Paper	<1 %
58	<a href="http://www.stet-review.org">www.stet-review.org</a> Internet Source	<1 %
59	<a href="http://dokumen.pub">dokumen.pub</a> Internet Source	<1 %
60	<a href="http://bonga.unisimon.edu.co">bonga.unisimon.edu.co</a> Internet Source	<1 %
61	<a href="http://repositorio.uam.es">repositorio.uam.es</a> Internet Source	<1 %
62	<a href="http://repositorio.uchile.cl">repositorio.uchile.cl</a> Internet Source	<1 %
63	<a href="http://repositorio.unitec.edu">repositorio.unitec.edu</a> Internet Source	<1 %
64	He, Kaiming, and Jian Sun. "Convolutional neural networks at constrained time cost", 2015 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR), 2015.	<1 %

65

Submitted to UNIBA

Student Paper

<1 %

66

es.wikipedia.org

Internet Source

<1 %

67

inba.info

Internet Source

<1 %

68

openaccess.uoc.edu

Internet Source

<1 %

69

riuma.uma.es

Internet Source

<1 %

70

uvadoc.uva.es

Internet Source

<1 %

71

www.modelosdesastres.s5.com

Internet Source

<1 %

72

www.wjgnet.com

Internet Source

<1 %

73

Alejandro Pasos Ruiz, Michael Flynn, James Large, Matthew Middlehurst, Anthony Bagnall. "The great multivariate time series classification bake off: a review and experimental evaluation of recent algorithmic advances", Data Mining and Knowledge Discovery, 2020

Publication


<1 %

74	Tiberio C. Monterrubio-Rico, Juan F. Charre-Medellín, Coral Pacheco-Figueroa, Stephan Arriaga-Weiss et al. "Distribución potencial histórica y contemporánea de la familia Psittacidae en México", Revista Mexicana de Biodiversidad, 2016 Publication	<1 %
75	as.com Internet Source	<1 %
76	docs.com Internet Source	<1 %
77	idpc.net Internet Source	<1 %
78	portalciencia.ucl.es Internet Source	<1 %
79	repositorio.ug.edu.ec Internet Source	<1 %
80	repository.unj.ac.id Internet Source	<1 %
81	ri.uaemex.mx Internet Source	<1 %
82	thebody.org Internet Source	<1 %
83	www.asktheeu.org Internet Source	<1 %

84	<a href="http://www.brnsspubhub.org">www.brnsspubhub.org</a> Internet Source	<1 %
85	Chin-Han Shen, Yang-Jie Chen, Hsu-Feng Hsiao. "A Scale-Reductive Pooling with Majority-Take-All for Salient Object Detection", 2022 IEEE International Symposium on Circuits and Systems (ISCAS), 2022 Publication	<1 %
86	<a href="http://campus.paho.org">campus.paho.org</a> Internet Source	<1 %
87	<a href="http://catalonica.bnc.cat">catalonica.bnc.cat</a> Internet Source	<1 %
88	<a href="http://colposdigital.colpos.mx:8080">colposdigital.colpos.mx:8080</a> Internet Source	<1 %
89	<a href="http://cuadernoabierto.blogspot.com">cuadernoabierto.blogspot.com</a> Internet Source	<1 %
90	<a href="http://ijimai.org">ijimai.org</a> Internet Source	<1 %
91	<a href="http://issuu.com">issuu.com</a> Internet Source	<1 %
92	<a href="http://killkana.ucacue.edu.ec">killkana.ucacue.edu.ec</a> Internet Source	<1 %
93	<a href="http://libros.cidepro.org">libros.cidepro.org</a> Internet Source	<1 %

94	<a href="http://noesis.uis.edu.co">noesis.uis.edu.co</a> Internet Source	<1 %
95	<a href="http://pesquisa.bvsalud.org">pesquisa.bvsalud.org</a> Internet Source	<1 %
96	<a href="http://produccioncientificaluz.org">produccioncientificaluz.org</a> Internet Source	<1 %
97	<a href="http://www.citeulike.org">www.citeulike.org</a> Internet Source	<1 %
98	<a href="http://www.grafiati.com">www.grafiati.com</a> Internet Source	<1 %
99	<a href="http://www.microsoft.com">www.microsoft.com</a> Internet Source	<1 %
100	<a href="http://www.pinterest.es">www.pinterest.es</a> Internet Source	<1 %
101	<a href="http://www.scoop.it">www.scoop.it</a> Internet Source	<1 %
102	<a href="http://zaguan.unizar.es">zaguan.unizar.es</a> Internet Source	<1 %
103	J. Iñigo, J.M. Sendra, R. Díaz, C. Bouza, A. Sarría-Santamera. "Epidemiología y costes de la sepsis grave en Madrid. Estudio de altas hospitalarias", Medicina Intensiva, 2006 Publication	<1 %

Este documento esta firmado por

	<b>Firmante</b>	CN=tfgm.fi.upm.es, OU=CCFI, O=ETS Ingenieros Informaticos - UPM, C=ES
	<b>Fecha/Hora</b>	Mon Jun 03 14:43:21 CEST 2024
	<b>Emisor del Certificado</b>	EMAILADDRESS=camanager@etsiinf.upm.es, CN=CA ETS Ingenieros Informaticos, O=ETS Ingenieros Informaticos - UPM, C=ES
	<b>Numero de Serie</b>	561
	<b>Metodo</b>	urn:adobe.com:Adobe.PPKLite:adbe.pkcs7.sha1 (Adobe Signature)