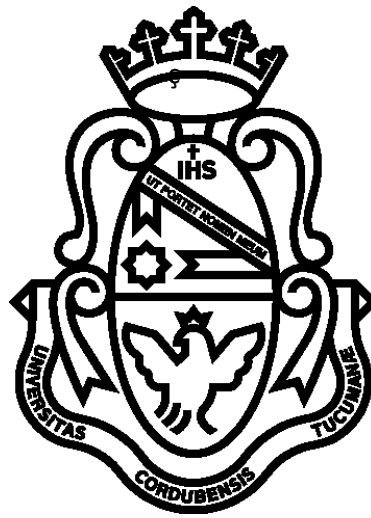


Proyecto Integrador

Modelado y optimización con Algoritmos Genéticos de la fuerza muscular a partir de EMG de superficie para la estimación del par articular durante la flexoextensión del codo.



Alumnos:

Capogrossi, Emiliano
Matrícula: 36.256.834

Dalmaso, David Leonel
Matrícula: 35.385.981

Directora:

García Cena, Cecilia E. (Universidad Politécnica de Madrid).

Profesor encargado:

Taborda, Ricardo A. M. (Universidad Nacional de Córdoba).



Agradecimientos

A mi mamá,
a mi papá y mi hermana,
por estar siempre,
por apoyarme en todo, y por haber hecho que llegue a este momento.

A Berit,
por el amor y la compañía,
que pese a la distancia fue siempre un refugio y dio siempre su oído.

A mis amigos,
que me acompañaron a lo largo de esta etapa de mi vida,
y me ayudaron a crecer como persona.

A Cecilia y todo el equipo de AURA,
por brindarnos esta oportunidad de aprender, investigar,
y mostrarnos nuevos horizontes.

A la Universidad Nacional de Córdoba,
pública, gratuita y laica,
por formarme como profesional.

Gracias a la Universidad Nacional de Córdoba por ofrecer una educación pública y gratuita que me permitió obtener un título universitario de calidad que de otra manera no hubiera sido posible.

Gracias, con un cariño especial, a Cecilia y a todos los que forman parte de AURA por abrirnos las puertas, darnos una oportunidad y vivir la experiencia de esta aventura.

Gracias a mis amigos y compañeros, quienes compartieron conmigo sus conocimientos y consejos ayudando a que cumpliera con este desafío.

Y por encima de todo, gracias de corazón a mi familia por estar siempre conmigo estos años. En especial a los míos, a mi mamá, a mi papá y a mi hermano, por el apoyo incondicional y por confiar siempre en mis decisiones. Gracias, con todo mi amor, a Dai por las horas de compañía que le robe y por ser mi compañera todos estos años, brindándome su comprensión, cariño y amor.

Resumen

Millones de años de evolución han determinado que los seres humanos posean algoritmos naturales asombrosamente robustos desarrollados para controlar el movimiento. Pero tanto por razones fisiológicas, como por ejemplo sucede con la debilidad muscular padecida a la hora de realizar un movimiento repetitivo; o patológicas como el caso de pacientes que sufren una lesión neuromuscular, dichos algoritmos pueden verse limitados. Por el contrario, los actuadores robotizados, como lo son los exoesqueletos de rehabilitación, pueden realizar tareas que requieren gran repetitividad y reproducir trayectorias con una precisión remarcable; sin embargo, sus algoritmos de control artificial no proporcionan la flexibilidad para desenvolverse en condiciones tan cambiantes manteniendo la misma calidad de funcionamiento que los seres humanos. Parece, por lo tanto, que integrar a los robots junto con los humanos en un mismo sistema ofrece notables oportunidades para el desarrollo de nuevas tecnologías de asistencia médica.

Dentro de este panorama es que surge ORTE[®], una ortesis robotizada de miembro superior desarrollada por la start-up de la Universidad Politécnica de Madrid España, Aura Innovative Robotics. Este dispositivo médico da una solución integral en el área de fisioterapia ya que brinda soluciones en la rehabilitación de lesiones neuromusculares del miembro superior de los pacientes, como también potencia la labor de médicos y fisioterapeutas al reducir la fatiga producto de la manipulación repetitiva del brazo al realizar los ejercicios de rehabilitación en el paciente.

Contribuyendo al avance de las prestaciones de este exoesqueleto, en el presente proyecto integrador se expondrá un modelo matemático, basado en el clásico modelo de Hill-Zajac, que se puede utilizar para estimar y predecir los momentos de las articulaciones y las fuerzas musculares. Utiliza señales EMG como entradas para el modelo, y los parámetros de los pares articulares predichos se optimizan a través de Algoritmos Genéticos utilizando como referencia la dinámica inversa del exoesqueleto.

Abstract

Millions of years of evolution have determined that humans possess amazingly robust natural algorithms developed to control movement. But for physiological reasons, as for example happens with the muscular weakness suffered when making a repetitive movement; or pathological, as in the case of patients suffering from a neuromuscular lesion, these algorithms may be limited. On the contrary, robotic actuators, such as rehabilitation exoskeletons, can perform tasks that require great repetitiveness and reproduce trajectories with remarkable precision; however, its artificial control algorithms do not provide the flexibility to function in such changing conditions while maintaining the same quality of operation as human beings. It seems, therefore, that integrating robots together with humans into the same system offers remarkable opportunities for the development of new medical care technologies.

Within this panorama is that ORTE[®], a robotic orthosis for upper limb developed by the start-up from the Polytechnic University of Madrid Spain, Aura Innovative Robotics, emerges. This medical device provides an integral solution in the physiotherapy area as it provides solutions in the rehabilitation of neuromuscular injuries of the upper limb of patients, as well as enhances the work of physicians and physiotherapists by reducing fatigue resulting from repetitive arm manipulation when performing the rehabilitation exercises on the patient.

Contributing to the advancement of the benefits of this exoskeleton, in the present integrative project a mathematical model, based on the classical Hill-Zajac model, that can be used to estimate and predict the moments of the joints and the muscular forces, will be exposed. It uses EMG signals as inputs for the model, and the parameters of the predicted joint moments are optimized through Genetic Algorithms using the inverse dynamics of the exoskeleton as a reference.

Keywords: *Muscle force, EMG, Hill model, joint moment, Genetic Algorithms.*

Contenido

Agradecimientos	I
Resumen	II
Abstract	III
Contenido	IV
Lista de figuras	VII
Índice de tablas	IX
Lista de símbolos	X

CAPÍTULO 1: INTRODUCCIÓN **1**

1. MOTIVACIÓN DEL TRABAJO	1
2. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA	2
3. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA	3
4. OBJETIVOS DEL TRABAJO	4
4.1.OBJETIVO GENERAL	4
4.2.OBJETIVOS ESPECIFICOS	4
5. ORGANIZACIÓN DE LA TESIS	5

CAPÍTULO 2:MARCO TEÓRICO **8**

1. ANATOMÍA	8
1.1.ANATOMÍA ÓSEA	9
1.2.ANATOMÍA MUSCULAR	12
2. UNIDAD MÚSCULO-TENDÓN	16
2.1.ANATOMÍA Y FISIOLOGÍA DEL MÚSCULO ESQUELÉTICO	16
2.1.1. FIBRA MUSCULAR	17
2.1.2. TEJIDO CONECTIVO	20
2.2.ESTRUCTURA DEL TENDÓN	21
2.3.BASES MOLECULARES DE LA CONTRACCIÓN	23
2.3.1. POTENCIAL DE ACCIÓN	23
2.3.2. UNIÓN NEUROMUSCULAR	25
2.3.3. CONTRACCIÓN MUSCULAR	28
2.4.MECÁNICA DE LA CONTRACCIÓN MUSCULAR	30
2.4.1. TIPOS DE FIBRAS MUSCULARES	31
2.4.2. DESARROLLO GRADUAL DE LA FUERZA DE CONTRACCIÓN	33
2.5.TIPOS DE CONTRACCIÓN	34
2.5.1. CONTRACCIÓN TÓNICA (TONO MUSCULAR)	34
2.5.2. CONTRACCIÓN FÁSICA	35

3. BIOMECÁNICA DEL MOVIMIENTO	36
3.1.TIPOS DE MOVIMIENTO	38
3.2.MÚSCULOS INVOLUCRADOS EN EL MOVIMIENTO.	43
3.2.1. MÚSCULOS MOTORES DE LA FLEXIÓN	43
3.2.2. MÚSCULOS MOTORES DE LA EXTENSIÓN	44
4. SEÑALES DE ELECTROMIOGRAFÍA (EMG)	45
4.1.FUNDAMENTOS	46
4.2.CARACTERÍSTICAS DE LA SEÑAL DE EMG	49
4.3.CAPTACIÓN DE SEÑALES DE EMG	49
4.3.1. FACTORES QUE INFLUYEN EN LA SEÑAL DE EMG	50
4.3.2. ELECTRODOS	51
4.4.PROCESAMIENTO DE SEÑAL	53
4.4.1. PROCESAMIENTO ANALÓGICO	53
4.4.2. PROCESAMIENTO DIGITAL	55
4.5.NORMALIZACIÓN	57
4.6.PROTOCOLO DE PREPARACIÓN DEL INDIVIDUO	58
5. EXOESQUELETO	63
5.1.CONCEPTOS GENERALES	63
5.2.ORTE®	63
5.2.1. DISEÑO DEL EXOESQUELETO	64
5.2.2. HARDWARE DEL EXOESQUELETO	65
5.3.ROBÓTICA ASOCIADA	66
5.3.1. CINEMÁTICA ORTE®	66
5.3.2. DINÁMICA ORTE®	67
6. ESTADO DEL ARTE DEL MODELADO MUSCULAR	69
6.1.MODELADO MUSCULAR	70
6.2.CLASIFICACIÓN DE MODELOS	70
6.2.1. MODELOS MICROSCÓPICOS (MODELO MUSCULAR DE HUXLEY)	71
6.2.2. MODELOS DISTRIBUCION/MOMENTO	73
6.2.3. MODELOS MACROSCÓPICOS	73
6.3.CONCLUSIONES	78
7. OPTIMIZACIÓN	80
7.1.SELECCIÓN NATURAL	82
7.1.1. GENÉTICA	83
7.1.2. EVOLUCIÓN	86
7.2.ALGORITMOS GENÉTICOS	87
7.2.1. GENERACIÓN DE LA POBLACIÓN INICIAL	89
7.2.2. ESQUEMA DE CODIFICACIÓN	90
7.2.3. FUNCIÓN DE EVALUACIÓN	90
7.2.4. SELECCIÓN/REPRODUCCIÓN	90
7.2.5. FORMAS DE TRABAJO DE LOS ALGORITMOS GENÉTICOS	91
7.2.6. CRUCE (CROSS-OVER)	92
7.2.7. TERMINACIÓN DEL PROCESAMIENTO	94

CAPÍTULO 3: DESARROLLO	95
1. PROTOCOLO EXPERIMENTAL	96
1.1.SUJETOS	96
1.2.EQUIPAMIENTO	98
1.3.ADQUISICIÓN DE DATOS	99
1.3.1. SESIÓN DINÁMICA EN CONDICIÓN ISOTÓNICA	100
1.3.2. SESIÓN DE MÁXIMA CONTRACCIÓN VOLUNTARIA (MCV)	101
2. ACONDICIONAMIENTO DE DATOS	103
3. PROCESAMIENTO DE SEÑALES	105
3.1.PROCESAMIENTO ANALÓGICO	106
3.2.PROCESAMIENTO DIGITAL	106
3.3.COMPARATIVA DE MÉTODOS DE SUAVIZADO	108
3.3.1. FILTRO PASA BAJO	108
3.3.2. MÉTODO MEDIA MÓVIL	109
3.3.3. MÉTODO VENTANA RMS	111
3.4.NORMALIZACIÓN	115
3.4.1. MCV	115
4. MODELO MÚSCULO-TENDÓN	118
4.1.LIMITACIONES IMPUESTAS AL MODELO	119
4.2.NIVEL DE ACTIVACIÓN	121
4.3.GEOMETRÍA MÚSCULO-ESQUELÉTICA	123
4.4.DINÁMICA DE CONTRACCIÓN MUSCULAR	127
4.4.1. PROPIEDADES DEL MÚSCULO	127
4.4.2. PROPIEDADES DEL TENDÓN	134
4.5.ESCALAMIENTO	135
4.6.MODELO PROPUESTO	137
4.6.1. GANANCIA LINEAL	138
4.6.2. METODOLOGÍA	139
5. OPTIMIZACIÓN DE PARÁMETROS	142
CAPÍTULO 4: RESULTADOS	145
CAPÍTULO 5: CONCLUSIONES	151
BIBLIOGRAFÍA	153
ANEXOS	164
ANEXO A: CONSENTIMIENTO INFORMADO PARA VOLUNTARIOS DEL GRUPO CONTROL	
ANEXO B: FICHA SUJETO CONTROL	
ANEXO C: TABLA VALORES ANTROPOMÉTRICOS	
ANEXO D: SEÑALES OBTENIDAS	
ANEXO E: VALORES DE COEFICIENTES OBTENIDOS	
ANEXO F: PAR SIN OPTIMIZAR VS. PAR OPTIMIZADO	
ANEXO G: CÓDIGOS EN MATLAB®	

Lista de figuras

Imagen 1: Principales términos direccionales.....	8
Imagen 2: Planos que atraviesan el cuerpo humano	9
Imagen 3: Regiones, huesos y articulaciones del MMSS (vista anterior del brazo derecho)	10
Imagen 4: Huesos del codo derecho en vista anterior (izquierda) y posterior (derecha)	10
Imagen 5: Lado izquierdo: ligamento colateral cubital. Lado derecho: ligamento colateral radial	11
Imagen 6: Músculos del Hombro. Vista anterior.....	12
Imagen 7: Músculos del Hombro. Vista posterior, plano superficial y plano profundo	13
Imagen 8: Músculos rotadores. Vista anterior y posterior.....	13
Imagen 9: Músculos flexores. Vista anterior, plano superficial y profundo	14
Imagen 10: Músculos extensores. Vista posterior, plano superficial	14
Imagen 11: Vista anterior del antebrazo, plano superficial.	15
Imagen 12: Vista posterior del antebrazo, plano profundo	15
Imagen 13: Estructura de la fibra muscular	18
Imagen 14: Micrografía electrónica del músculo esquelético humano	18
Imagen 15: Imagen ilustrativa de la estructura del Sarcómero.	19
Imagen 16: Estructura anatómica del músculo esquelético.....	20
Imagen 17: Estructura organizativa del músculo desde la escala macro hasta la micro.....	21
Imagen 18: Estructura organizativa del tendón desde la escala macro hasta la micro.....	22
Imagen 19: Fases del potencial de acción	24
Imagen 20: Actividad muscular controlada por el sistema nervioso.....	26
Imagen 21: Placa motora terminal.....	26
Imagen 22: Fenómenos en la unión neuromuscular que conducen a un potencial de acción	27
Imagen 23: Golpe de poder de la miosina en el músculo estriado	28
Imagen 24: Resumen de los pasos de la contracción	29
Imagen 25: Resumen de los pasos de la relajación	30
Imagen 26: Izq: Porcentaje de fibras se recluta de acuerdo al grado de fuerza requerido. Der: la fuerza y duración de cada sacudida que es capaz de realizar cada uno de los tipos de fibras	31
Imagen 27: Tipos de Contracción muscular.	34
Imagen 28: Tipos de contracciones musculares.....	35
Imagen 29: Izq: flexo extensión del antebrazo. Der: flexión, extensión e hiperextensión del brazo.	38
Imagen 30: Abducción/aducción del brazo	39
Imagen 31: Circunducción del brazo	39
Imagen 32: Rotación del brazo.....	40
Imagen 33: Supinación / Pronación del brazo.....	40
Imagen 34: Articulación tipo Condílea.	42
Imagen 35: Articulación Húmero-Cubital	42
Imagen 36: Articulación Cubito-Radial.....	42
Imagen 37: Amplitud de la flexo-extensión del codo	44
Imagen 38: Zona de despolarización de la membrana de una fibra muscular	47
Imagen 39: Dipolo eléctrico de la membrana de la fibra muscular.....	47
Imagen 40: Se ilustra como las distintas fibras musculares aportan a la constitución del PAUM.....	48
Imagen 41: EMG resultante de la superposición de varios PUAMs	48
Imagen 42: Electromiografía de superficie cruda de tres contracciones del bíceps.	49
Imagen 43: La influencia del grosor variable de las capas de tejido debajo de los electrodos	50
Imagen 44: Electrodo de aguja.	52
Imagen 45: Electrodo de superficie.	52
Imagen 46: El efecto de la frecuencia de muestreo A/D en una señal digitalizada.....	54
Imagen 47: Diagrama de bloques de los dos tipos de filtros digitales: (a) FIR y (b) IIR.	55
Imagen 48: Diferentes tipos de métodos de normalización	57
Imagen 49: Influencia del posicionamiento de los electrodos en el músculo	59
Imagen 50: Sitios anatómicos de electrodos seleccionados, vista frontal	61
Imagen 51: Sitios anatómicos de electrodos seleccionados, vista dorsal	62
Imagen 52: Prototipo de exoesqueleto de miembro superior para rehabilitación	64
Imagen 53: Diseño en Inventor de las piezas del exoesqueleto de miembro superior	65
Imagen 54: Servomotor Dynamiel RX-64.	65
Imagen 55: Representación esquemática de la cinemática de un robot.	66
Imagen 56: Interfaz del software de modelado con el exoesqueleto ORTE® cargado.....	68

Imagen 57: Modelo de la contracción muscular de Huxley.	72
Imagen 58: Diferentes modelos del comportamiento mecánico del músculo.....	74
Imagen 59: Modelo mecánico de Hill que ilustra los componentes biológicos con sus análogos mecánicos.....	75
Imagen 60: Curvas características del músculo.....	75
Imagen 61: Diagrama básico de la estructura de una red neuronal.	77
Imagen 62: Ejemplo de una función costo.	81
Imagen 63: Representación de un cromosoma.	83
Imagen 64: Primera ley de Mendel.	84
Imagen 65: Segunda ley de Mendel.	85
Imagen 66: Esquema de todas las etapas de los Algoritmos Genéticos.....	87
Imagen 67: Pasos a seguir para generar un algoritmo genético.	88
Imagen 68: Uso de un solo punto de cruce entre 2 individuos.....	93
Imagen 69: Uso de 2 puntos de cruce entre 2 individuos.....	93
Imagen 70: Mutación. La mutación se realiza en el tercer bit de la cadena.	94
Imagen 71: Esquema donde se resume el modelo propuesto y se observa la etapa de optimización.....	95
Imagen 72: Codificación propuesta para organizar las señales adquiridas a cada voluntario.	97
Imagen 73: Ejemplo de nombre de señal guardada siguiendo el sistema de codificación propuesto.	97
Imagen 74: Cara frontal (izquierda), cara posterior (derecha) de Quattro®.	99
Imagen 75: Proceso de colocación de los electrodos en el brazo del paciente.	99
Imagen 76: Voluntario realizando la prueba. Se observa la carga de un kilogramo utilizada.	100
Imagen 77: Ejercicio propuesto para generar una máxima contracción voluntaria del músculo Braquiorradial.	101
Imagen 78: Ejercicio propuesto para generar una máxima contracción voluntaria del músculo Bíceps.	102
Imagen 79: Ejercicio propuesto para generar una máxima contracción voluntaria del músculo Tríceps.	102
Imagen 80: Método de selección propuesto para elegir el conjunto de señales que se desea analizar.....	104
Imagen 81: Resultado de aplicar un filtro Butterworth Pasa alto a 20 Hz.	107
Imagen 82: Diagrama de Bode para Filtro Butterworth de 4to Orden.....	109
Imagen 83: Resultado de aplicar un filtro Moving Average a una señal RAW de EMG.....	110
Imagen 84: Diagrama de Bode para Filtro Moving Average.....	111
Imagen 85: Análisis de la respuesta en frecuencia de los tres métodos de suavizado propuesto.	112
Imagen 86: Progreso de la señal hasta obtener la envolvente.....	113
Imagen 87: Resultado de aplicarle a una porción de una señal de EMG los tres métodos de filtrado propuestos.	114
Imagen 88: Registro de MCV del músculo bíceps de un voluntario.....	116
Imagen 89: Registro de MCV del músculo bíceps de un voluntario.....	116
Imagen 90: Procesamiento de señal completo que se le realiza a la señal RAW.	117
Imagen 91: Esquema donde se representan los distintos bloques en los que se basa el modelo propuesto.....	118
Imagen 92: Esquema donde se muestran los distintos bloques que forman al modelo Músculo-Tendón.....	119
Imagen 93: Gráfica de relación no lineal entre el nivel de activación Neural y la activación Muscular.....	122
Imagen 94: Par que produce el músculo bíceps en la articulación del codo al levantar una carga externa.....	123
Imagen 95: Graficas donde se representa la relación de la posición angular del codo y los músculos.....	124
Imagen 96: Graficas donde se compara el brazo de palanca en cm de los músculos.....	126
Imagen 97: Representación mecánica de la unidad músculo-tendón.	127
Imagen 98: Disposición de fibras musculares.....	128
Imagen 99: Grafico de relación Fuerza-Longitud.....	129
Imagen 100: Modelado de la porción muscular.....	130
Imagen 101: Curva Fuerza-Velocidad.....	132
Imagen 102: Curva Fuerza-Tensión.....	134
Imagen 103: Fuerza como una función de la longitud y velocidad muscular.....	140
Imagen 104: Ejemplo de Momento obtenido por medio de las ecuaciones dinámicas de ORTE®.....	142
Imagen 105: Diagrama de flujo de la evolución del Algoritmo Genético.....	143
Imagen 106: Gráficas de algunos de los resultados obtenidos.....	146
Imagen 107: Representación gráfica de los valores iniciales de los coeficientes de los trece voluntarios.	149
Imagen 108: Representación gráfica de los valores de los coeficientes luego del proceso de optimizado.	150

Índice de tablas

Tabla 1: Parámetros característicos de cada tipo de fibra	32
Tabla 2: Resumen de las clasificaciones estructural y funcional de las articulaciones.....	37
Tabla 3: Complejo articular del codo	41
Tabla 4: Rango de las bioseñales más usuales.....	45
Tabla 5: Factor proporcional de peso.	97
Tabla 6: Especificaciones técnicas de Quattro®	98
Tabla 7: Coeficientes para el polinomio que relaciona la posición angular del brazo con la longitud el elemento músculo-tendón	125
Tabla 8: Coeficientes para el polinomio que relaciona la posición angular del brazo con el brazo de palanca respecto de la articulación del codo	126
Tabla 9: Parámetros fisiológicos para los músculos analizados.....	136
Tabla 10: Vectores de parámetros iniciales y los límites que el parámetro puede alcanzar, para cada músculo de un paciente de ejemplo	141
Tabla 11: Resumen de opciones configuradas en la herramienta de optimización de Algoritmos Genéticos	144
Tabla 12: Resultados obtenidos.....	147

Lista de símbolos

<i>A</i>	Parámetro que define el grado de no linealidad de la relación nivel de activación muscular $a(t)$ - nivel de activación neural $u(T)$.
<i>A/D</i>	Analógico/digital.
a_i	Coefficientes del polinomio de relación posición angular – longitud Músculo-Tendón.
<i>ADN</i>	Ácido desoxirribonucleico.
<i>Ag/AgCl</i>	Electrodo de plata cloruro de plata.
<i>ATP</i>	Adenosín trifosfato.
b_i	Coefficientes del polinomio de relación posición angular – Brazo de palanca.
c_i	Coefficientes de ganancia lineal K .
<i>Ca +</i>	Ion calcio.
<i>CE</i>	Elemento contráctil.
<i>CMRR</i>	Relación de rechazo de modo común.
<i>DE</i>	Elementos de amortiguación.
<i>EMG</i>	Electromiografía.
<i>EMG RAW</i>	Señal “cruda” de Electromiografía
F_O^M	Máxima fuerza activa de la fibra muscular.
<i>FIR</i>	Filtro de Respuesta al Impulso Finita (Finite Impulse Response).
<i>GDL</i>	Grados de libertad.
<i>IIR</i>	Filtro de Respuesta al Impulso Infinita (Infinite Impulse Response).
<i>ISAK</i>	Sociedad Internacional para el Avance de la Cineantropometría (siglas en inglés).
<i>ISEK</i>	International Society of Electrophysiology and Kinesiology.
<i>K +</i>	Ion potasio.
L_{CE}	Largo del conjunto músculo-tendón.
L_O^M	Longitud óptima de la fibra muscular a la cual se alcanza la máxima fuerza activa.

L_S^T	Longitud de tensión del tendón.
LCC	Ligamento colateral cubital.
LCR	Ligamento colateral radial.
$\frac{m}{s}$	Metros por segundo.
MCV	Máxima Contracción Voluntaria.
$MMSS$	Miembro superior.
Na^+	Ion Sodio.
$PAUM$	Potencial de unidad motora.
PE	Elemento elástico pasivo en paralelo.
S	Segundos.
SE	Elemento elástico pasivo en serie.
$sEMG$	Electromiografía de superficie.
$SENIAM$	Surface Electromyography for Noninvasive Assessment of Muscles.
$SERCA$	Bomba Ca^{+} ATP-asa sarcoplásmica.
UM	Unidad motora.
V	Voltios.
α	Ángulo de penación de las fibras musculares.
β	Porcentaje de fibras rápidas.
φ_M	Factor de forma.
φ_V	Factor de forma.
Ω	Ohmios.

CAPÍTULO 1: INTRODUCCIÓN

1. MOTIVACIÓN DEL TRABAJO

Con el objetivo de integrar actuadores robotizados en el desarrollo de nuevas tecnologías para la asistencia médica es que surge ORTE[®], una ortesis robotizada de miembro superior desarrollada por la start-up de la Universidad Politécnica de Madrid España, Aura Innovative Robotics SL (www.aurarobotix.com). Este dispositivo médico da una solución integral en el área de fisioterapia ya que brinda soluciones en la rehabilitación de lesiones neuromusculares del miembro superior de los pacientes, como también potencia la labor de médicos y fisioterapeutas al reducir la fatiga producto de la manipulación repetitiva del brazo al realizar los ejercicios de rehabilitación en el paciente.

En la actualidad, el exoesqueleto cuenta con sensores que permiten la medición de los parámetros de control por medio de los circuitos integrados en los actuadores que utiliza para movilizar la ortesis. Con el fin de ampliar el abanico de opciones con el que ORTE[®] cuenta para la toma de decisiones, se pretende encontrar una manera alternativa de estimar el par que el usuario del dispositivo intenta aplicar en la articulación. Para esto se buscará estimar el par a partir de la fuerza que los músculos generan a la hora de realizar un movimiento.

La fuerza muscular se encuentra ampliamente estudiada por profesionales de muy diferentes procedencias. Podemos encontrar entrenadores, fisiólogos, médicos, ingenieros, especialistas en aprendizaje y desarrollo motor y biomecánicos, entre otros, todos ellos preocupados, desde sus respectivos puntos de vista en mejorar la ergonomía de productos, disminuir el riesgo de lesiones, incrementar el rendimiento dentro del ámbito deportivo y minimizar los tiempos en la rehabilitación de lesiones musculares (1). Sin embargo, estimar la fuerza que una persona desea realizar no es un hecho trivial y requiere un profundo estudio de cómo se genera la fuerza muscular y el modo de sobrellevar las variaciones que presenta entre distintas personas, e incluso en diferentes mediciones hechas en el mismo individuo.

2. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

Brindarle a la órtesis robotizada una forma alternativa de estimar el par que el paciente debería aplicar en su articulación para realizar un movimiento resulta útil en el mencionado proceso de integrar a los robots junto con los humanos en un mismo sistema. Esta nueva estimación del parámetro de control le otorgará al sistema de rehabilitación una nueva herramienta para ser utilizada en el proceso ya existente de toma de decisiones.

Tal como se mencionó, como primera tarea se buscará estimar la fuerza muscular que el usuario realiza durante un movimiento. Para este fin se debe realizar la captura de señales de **electromiografía de superficie (sEMG)** en voluntarios sanos. A sabiendas de que se contará con un número limitado de canales de captura, se deberá determinar cuáles serán los músculos más representativos del movimiento a analizar. Posteriormente a dicha captura se le realizará un tratamiento digital de acondicionamiento y se la utilizará como variable de entrada del modelo. A su vez se tendrá un registro de la posición angular, información cinemática que el exoesqueleto brinda a través de sus motores, para utilizarlo como una segunda variable independiente representativa del sistema planteado.

Sobre estas variables se edificará un modelo matemático, basado en el clásico modelo muscular de Hill-Zajac, que permitirá estimar el par que aplica el sistema músculo-esquelético de un paciente sano en su articulación a partir del cálculo de las contribuciones de fuerza que realizan cada uno de los músculos medidos.

Finalmente se realizará una validación del modelo propuesto, verificando a través de la dinámica inversa disponible en el exoesqueleto, y ajustando los parámetros mediante la técnica de optimización denominada Algoritmos Genéticos, para que de este modo sean lo más representativo posible de la antropometría y fisiología del usuario.

3. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

El presente trabajo pretende avanzar en el conocimiento sobre el modelado muscular. En la revisión de trabajos de la hemeroteca de la Facultad de Ciencias Exactas Físicas y Naturales de la Universidad Nacional de Córdoba no se encontró a la fecha ningún trabajo que aborde esta tarea utilizando el modelo propuesto por Hill.

Como línea general se siguió el trabajo (2) de Cavallaro et Al., en donde se plantea un modelo muscular, denominado “mioprocesador” para el manejo de un exoesqueleto potenciado con control neural, en donde se plantea el uso de Algoritmos Genéticos para la optimización de los parámetros. A diferencia de este trabajo, en el modelo que en el presente proyecto se propone se incluye al tendón como parte de la unidad Músculo-Tendón, provocando que las ecuaciones que gobiernan al modelo cambien sustancialmente.

La incorporación del tendón se realiza siguiendo la metodología empleada en el trabajo (3) de Buchanan et Al, el cual parte del trabajo propuesto por Lloyd, en donde se analiza la implementación de un modelo neuromuscular gobernado por señales de electromiografía. Existen diversas técnicas para la resolución de las ecuaciones no lineales que se plantean en el modelo, como por ejemplo la utilizada en estos en donde se implementa una integración matemática directa mediante el método de Runge-Kutta-Fehlberg. Cabe destacar que en este trabajo se utilizará la recomendación de Sartori (4), en donde se introduce un modelo de tendón infinitamente rígido para resolver las ecuaciones.

En los trabajos encontrados se observa que en la mayoría hay una tendencia a utilizar ciertos softwares, como por ejemplo OPENSIM®, en donde se modela la arquitectura muscular creando modelos tridimensionales del miembro bajo estudio para que luego el software, de forma automática mediante el empleo de B-Splines cúbicos multidimensionales, genere una rápida estimación de las longitudes musculares y los brazos de palanca tridimensionales. Sin embargo, en la presente tesis no se incorpora un modelo musculoesquelético, si no que se determinan las relaciones entre la posición angular de la articulación y la longitud muscular y entre la posición angular y el brazo de palanca, a través de un polinomio de tercer orden.

Como tesis de referencia se siguió el trabajo de Ramos (5) en donde se presenta el control de torque de un exoesqueleto actuado por músculos neumáticos artificiales, donde si bien el objetivo principal de trabajo no es el modelado muscular se implementa la metodología propuesta por Cavallaro.

4. OBJETIVOS DEL TRABAJO

4.1. OBJETIVO GENERAL

- Proponer un modelo de fuerza muscular para calcular el par aplicado a una articulación músculo-esquelética., validar el modelo a través de los pares articulares obtenidos por simulaciones mecánicas y optimizar los parámetros fisiológicos y biomecánicos utilizando Algoritmos Genéticos.

4.2. OBJETIVOS ESPECIFICOS

- Estudio del estado de arte.
- Realizar la recogida de datos en voluntarios sanos.
- Procesar a las señales biomédicas mediante un tratamiento digital, que consista en el filtrado y normalización de la señal.
- Modelado muscular siguiendo la teoría de Hill-Zajac que permita estimar fuerzas musculares.
- Simulación y optimización de los parámetros del modelo para que sean específicos y representativos de la fisiología de cada voluntario.
- Validación de los pares estimados a través de simulaciones mecánicas.

5. ORGANIZACIÓN DE LA TESIS

El presente trabajo se encuentra estructurado en 5 capítulos.

En este **primer capítulo** se desarrolla una **introducción** al trabajo, en donde se describe el propósito del mismo, los objetivos que se pretenden cumplir y un breve repaso de trabajos similares.

En el **segundo capítulo** se expone el **marco teórico** donde el trabajo se encuentra contenido. Se asienta en siete secciones principales:

- **ANATOMÍA:** En esta sección se expone el estudio realizado sobre la anatomía del miembro superior (MMSS) tanto del sistema esquelético como del sistema muscular, haciendo foco en la articulación que es de interés en el trabajo. Previamente se introduce a la terminología anatómica básica con el objetivo de poder describir las posiciones anatómicas, definir los planos anatómicos y los términos direccionales utilizados para describir el cuerpo humano.
- **UNIDAD MÚSCULO-TENDÓN:** Desde el punto de vista estructural y funcional, se puede considerar que el músculo y el tendón actúan como una unidad, la **unidad Músculo-Tendón**, con componentes contráctiles y elásticos que movilizan palancas óseas mediante los momentos de fuerza que desarrollan los elementos elásticos y contráctiles a través del tendón en la inserción muscular (6). En esta sección se explicarán en detalle los componentes anatómicos y fisiológicos que pueden ser modelados y el comportamiento en conjunto que realizan para llevar a cabo una contracción muscular.
- **BIOMECÁNICA DEL MOVIMIENTO:** El objetivo de esta sección es describir las clasificaciones estructurales y funcionales de las articulaciones para así comprender la biomecánica del miembro superior. Por esto en la presente sección se estudiarán los movimientos que puede realizar el miembro superior, principalmente durante la flexoextensión del codo.
- **SEÑALES DE ELECTROMIOGRAFÍA (EMG):** En esta sección se explicará en qué consisten las señales provenientes del cuerpo humano y, en particular, el proceso de captación de las señales provenientes de los músculos esqueléticos del cuerpo humano denominadas **señales de Electromiografía (EMG)**. Se analizan las características y requerimientos del equipamiento que se utiliza con base a las recomendaciones propuestas por el SENIAM (7), y finalmente se presentará el procedimiento utilizado para la correcta adquisición de las señales.
- **EXOESQUELETO:** El desarrollo del exoesqueleto ORTE® es el que permite que este trabajo surja y es gracias al soporte que este brinda que se podrán realizar las mediciones de ciertos parámetros de entrada necesarios para el modelo que se propone. Es por esta razón por la que se desarrolla esta sección con el fin de presentar los conceptos de un exoesqueleto,

describir con mayor profundidad las prestaciones de ORTE® e introducir los conceptos de robótica que se tocarán a lo largo de este trabajo.

- **ESTADO DEL ARTE DEL MODELADO MUSCULAR:** El objetivo de este apartado es realizar una revisión bibliográfica acerca de los tipos de modelos musculares que se han desarrollado, a fin de poder estudiarlos y así utilizar aquél que nos permita predecir la fuerza o el par en una articulación según las necesidades del trabajo.
- **OPTIMIZACIÓN:** En esta sección se analizará brevemente el concepto de optimización, para dar pie a los Algoritmos Genéticos, los cuales comprenden a la técnica elegida en el presente trabajo para optimizar los parámetros del modelo.

En el **tercer capítulo** se realiza el **desarrollo** del trabajo. En él se encuentran cinco secciones en donde se explican las diferentes tareas que se realizaron para llevar a cabo el presente trabajo:

- **PROTOCOLO EXPERIMENTAL:** Es donde se establece la metodología para la preparación de los sujetos, los equipos de medición y las sesiones en las cuales se realizarán las mediciones.
- **ACONDICIONAMIENTO DE DATOS:** En esta sección se buscará resumir el proceso de preparación de las señales obtenidas para ser utilizadas luego en el software MATLAB®, el cual es el entorno en donde se desarrolla el modelo propuesto.
- **PROCESAMIENTO DE SEÑALES:** Esta sección estará enfocada en describir el proceso de transformación de la señal de EMG registrada para cada músculo en una señal que pueda ser utilizada dentro del modelo que se presenta. Este proceso se puede dividir en dos etapas diferenciadas, que corresponden al procesamiento analógico realizado por el equipo de adquisición, y a una segunda etapa donde ocurre el procesamiento digital de los datos el cual será realizado a través del software MATLAB®. Particularmente en esta última etapa es donde se realizará una comparativa entre tres procesos de filtrado diferentes encontrados en la literatura. Finalmente se describe el proceso de normalización de la señal mediante la técnica de la **Máxima Contracción Voluntaria (MCV)**.
- **MODELO MÚSCULO-TENDÓN:** En esta sección se desarrollará el modelo Músculo-Tendón que se propone. Consta de tres partes: el **Nivel de Activación Muscular**; en donde se pone de manifiesto la relación no lineal entre la señal ya procesada de EMG, y el nivel de activación que experimentará el músculo; la **Geometría Músculo-Esquelética**, donde se estima, por medio del método de interpolación polinómica de Lagrange, la variación de la longitud del segmento músculo-tendón, $\Delta l_{CE}^M(t)$, y su cambio respecto al tiempo, a partir de la posición en el espacio del brazo en cada instante de tiempo, t , y el brazo de palanca, R , necesario para determinar el par; estos dos bloques obtienen los parámetros necesarios para el bloque principal llamado

Dinámica de Contracción Muscular, que es en donde se utilizan las ecuaciones del Modelo de Hill-Zajac, permitiendo estimar la Fuerza muscular que realiza el músculo bajo análisis.

- **OPTIMIZACIÓN DE PARÁMETROS**: En esta última sección se describe la función costo que se buscará minimizar mediante el empleo de Algoritmos Genéticos, con el fin de encontrar el conjunto de parámetros que mejor adaptan al par obtenido por el modelo al par que se obtiene mediante las simulaciones realizadas utilizando las ecuaciones dinámicas del exoesqueleto en el software de modelado mecánico.

En el ***cuarto capítulo*** se exponen los ***resultados*** obtenidos, en donde se comparan las señales de cada voluntario obtenidas sin optimización y luego de optimizar utilizando ciertos métodos estadísticos con el fin de cuantificar los resultados encontrados.

Finalmente, en el ***quinto capítulo*** se detallan las ***conclusiones*** a las que se arribó en el presente trabajo y se enumeran posibles mejoras a implementar en trabajos futuros.

CAPÍTULO 2: MARCO TEÓRICO

1. ANATOMÍA

En esta sección se expone el estudio realizado sobre la anatomía del miembro superior (MMSS) tanto del sistema esquelético como del sistema muscular, haciendo foco en la articulación que es de interés en el trabajo. Pero antes se va a realizar un repaso de terminología anatómica básica con el objetivo de poder describir las posiciones anatómicas, definir los planos anatómicos y los términos direccionales utilizados para describir el cuerpo humano.

Para localizar las distintas estructuras del cuerpo, los anatomistas utilizan términos direccionales específicos, palabras que describen la posición de una parte del cuerpo en relación con la otra. La mayoría de los términos direccionales utilizados se pueden agrupar en pares de significados opuestos y así, por ejemplo, **superior** significa hacia la parte más elevada del cuerpo e **inferior** significa hacia la parte más baja del cuerpo. En la Imagen 1 se muestran los principales términos direccionales.

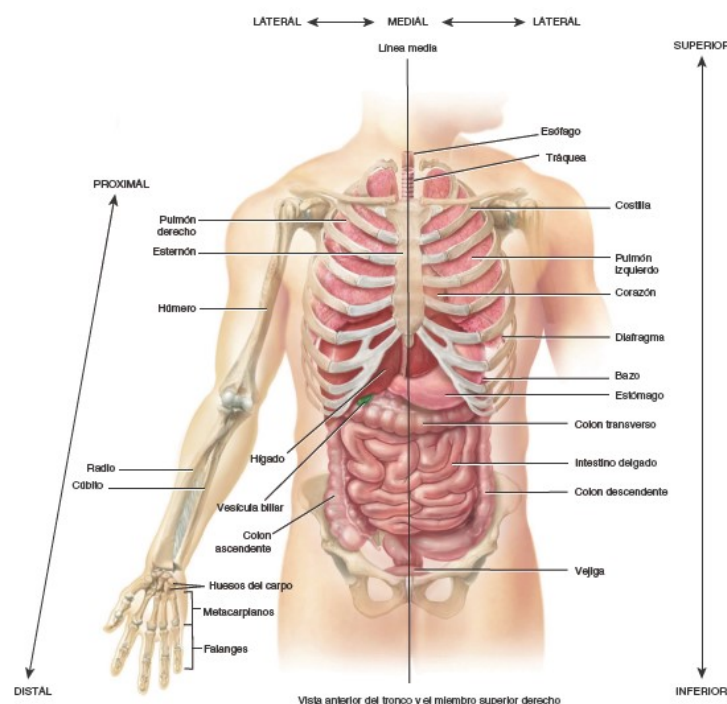


Imagen 1: Principales términos direccionales. Imagen extraída de (8).

También se estudian las partes del cuerpo en relación a los planos, es decir superficies planas imaginarias que atraviesan las partes del cuerpo (ver Imagen 2).

De esta forma tenemos:

- **Plano sagital:** es un plano vertical que divide el cuerpo en lados derecho e izquierdo.
- **Plano transversal u horizontal:** que divide el cuerpo en una parte superior y en una parte inferior.
- **Plano frontal:** el cual divide al cuerpo en una parte anterior y una posterior.

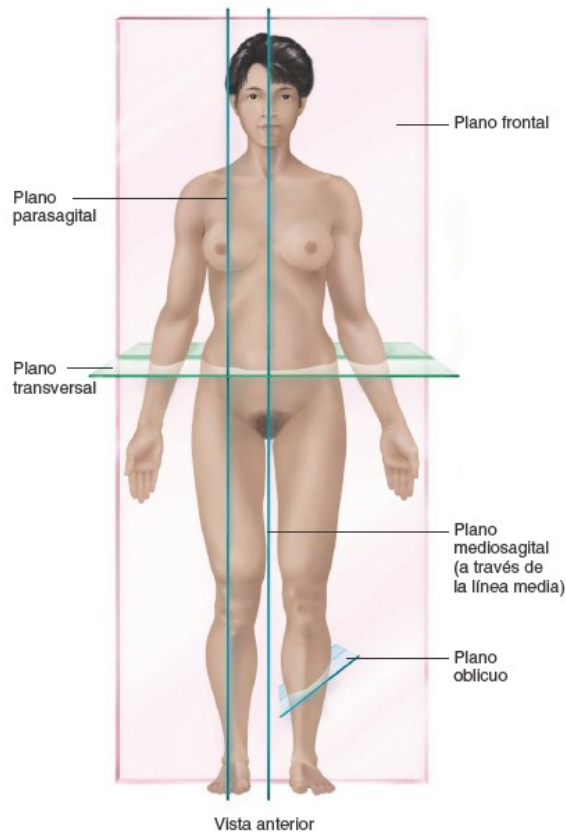


Imagen 2: Planos que atraviesan el cuerpo humano. Los planos frontal, transversal, sagital y oblicuo dividen el cuerpo de maneras específicas.

1.1. ANATOMÍA ÓSEA

El miembro superior es un complicado sistema de segmentos, uniones y músculos que se caracteriza por su movilidad y cuya función consiste en situar y desplazar la mano en el espacio.

El miembro superior consiste en 4 segmentos (ver Imagen 3):

- **La cintura escapular:** el anillo óseo, incompleto posteriormente, formado por la **escapula** y las **clavículas**, y completado anteriormente por el **manubrio** del esternón.
- **El brazo:** la porción entre el hombro y el codo que contiene el **húmero**.
- **El antebrazo:** la porción entre el codo y la muñeca que contiene el **cúbito** y el **radio**.
- **La mano:** porción distal al antebrazo que contiene el **carpo**, el **metacarpo** y las **falanges**.

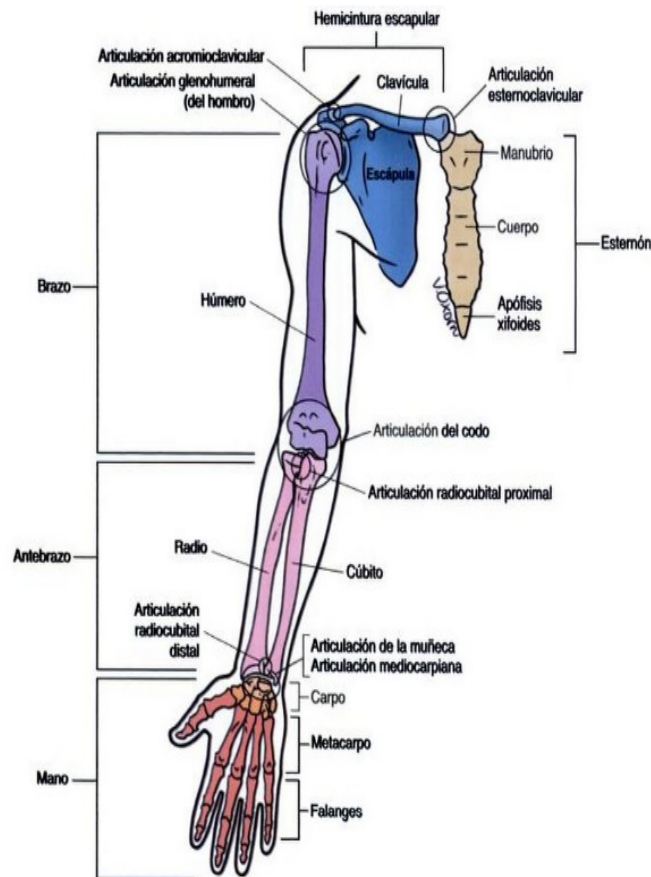


Imagen 3: Regiones, huesos y articulaciones del MMSS (vista anterior del brazo derecho). Imagen extraída de (9).

En anatomía humana, la articulación del codo (ver Imagen 4) es la que une el brazo con el antebrazo, conectando la parte distal del hueso húmero con los extremos proximales de los huesos cúbito y radio. Es un complejo de tres articulaciones (el humero cubital, el radio humeral y el radio cubital) englobadas en una misma cavidad articular (10).

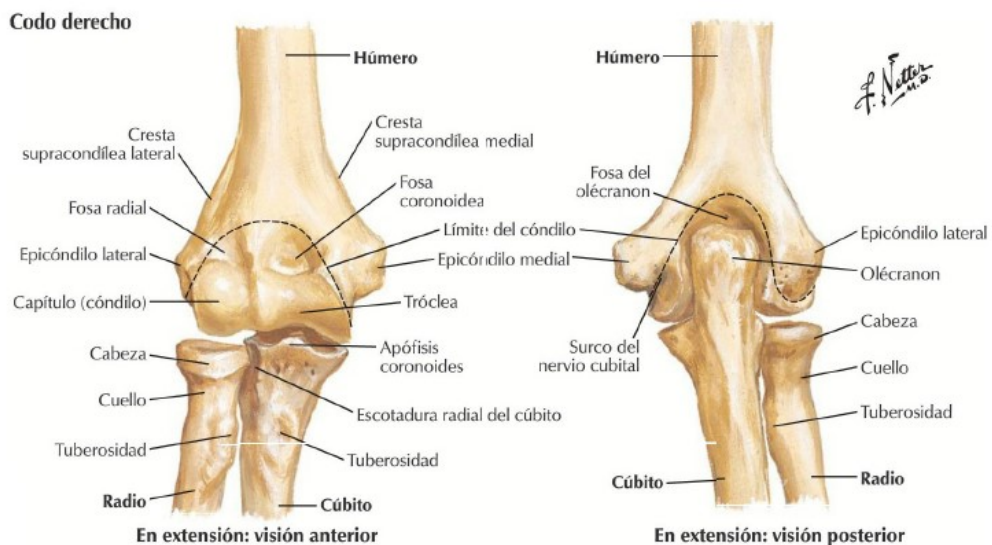


Imagen 4: Huesos del codo derecho en vista anterior (izquierda) y posterior (derecha). Imagen extraída de (11)

Los extremos óseos se conectan entre sí por un conjunto de ligamentos que contribuyen a su fijación y están rodeados por una estructura común que se llama **cápsula articular**, en cuyo interior se encuentra el **líquido sinovial**. (8)

La articulación del codo es una de las más estables del cuerpo y se encuentra estabilizada por dos grandes ligamentos colaterales principales, el **ligamento colateral cubital (LCC)** y el **ligamento colateral radial (LCR)**. (ver Imagen 5)

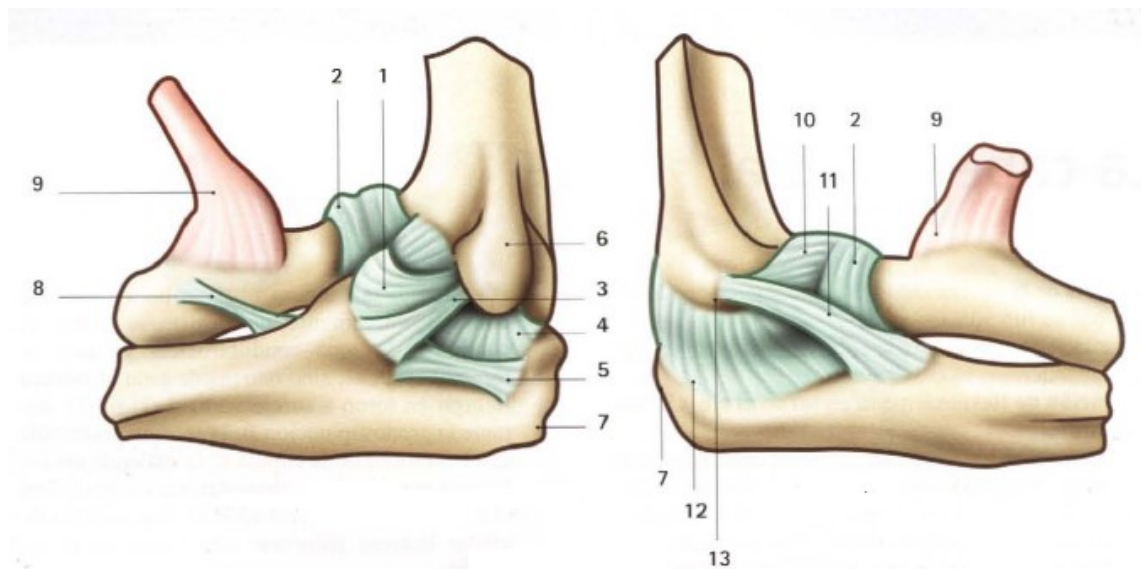


Imagen 5: Lado izquierdo: ligamento colateral cubital. Lado derecho: ligamento colateral radial. Imagen extraída de (10).

Al ligamento colateral cubital (LCC) lo constituyen tres haces:

- **Un haz anterior [1]:** Refuerzan el ligamento anular del radio [2].
- **Un haz medio [3]:** el más potente.
- **Un haz posterior [4]:** o ligamento de Bardinel, reforzado por las fibras transversales del ligamento de Cooper [5].

Además, en este esquema puede distinguirse: la epitróclea [6], de donde parte el abanico del LCC, el olécranon [7], la cuerda oblicua de Weitbrecht [8], el tendón del músculo bíceps braquial [9] que se inserta en la tuberosidad bicipital del radio.

El ligamento colateral radial (LCR), constituido también por tres haces que parten del epicóndilo:

- **Un haz anterior [10]:** que refuerza al ligamento anular por delante.
- **Un haz medio [11]:** que refuerza el ligamento anular por detrás.
- **Un haz posterior [12].**

1.2. ANATOMÍA MUSCULAR

El sistema esquelético descrito anteriormente está rodeado de un sistema muscular cuya principal función es producir movimientos al ejercer una fuerza sobre los tendones los que, a su vez, traccionan de los huesos. Este sistema muscular está formado por los músculos del Hombro y por los músculos del manguito de los rotadores.

Los músculos del Hombro se pueden clasificar en dos grupos de acuerdo a su ubicación: anteriores (ver Imagen 6) y posteriores y estos últimos en un plano profundo y un plano superficial (ver Imagen 7).

Los músculos del manguito de los rotadores o músculos rotadores (ver Imagen 8), están compuestos por el **músculo supraespinoso**, el **infraespinoso**, el **subescapular** y el **redondo menor**.

En el codo se encuentran dos articulaciones, una en forma de bisagra que permite la flexión y la extensión del antebrazo; y otra en forma de pivote con la que el radio supina y prona sobre el cúbito. Los músculos de estas articulaciones se agrupan según estos movimientos en: flexores, extensores, pronadores y supinadores.

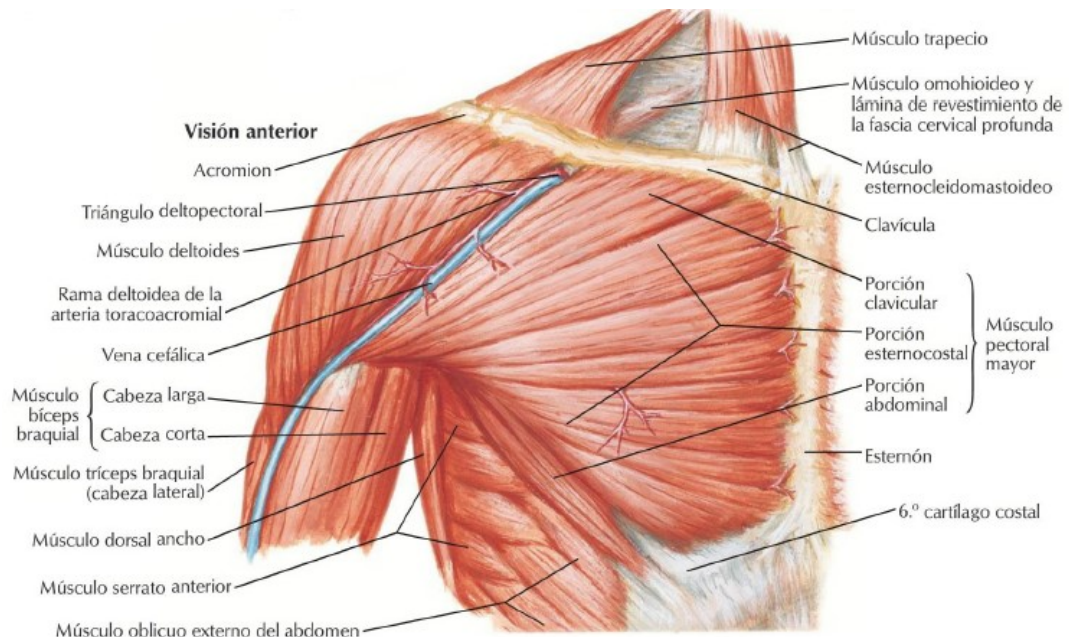


Imagen 6: Músculos del Hombro. Vista anterior. Imagen extraída de (11)

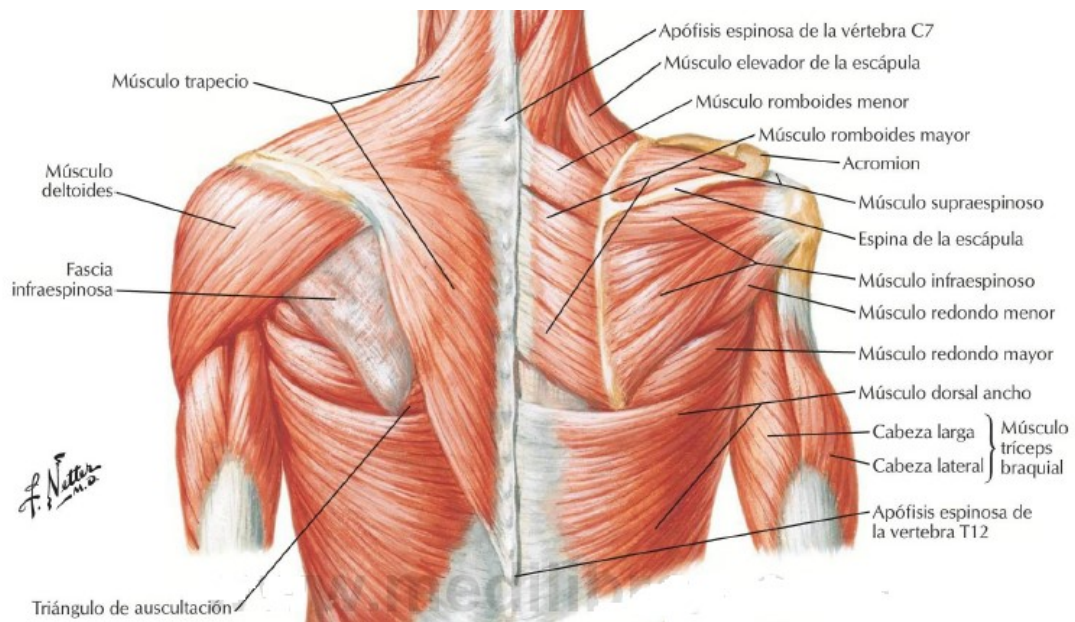


Imagen 7: Músculos del Hombro. Vista posterior, plano superficial y plano profundo. Imagen extraída (11).

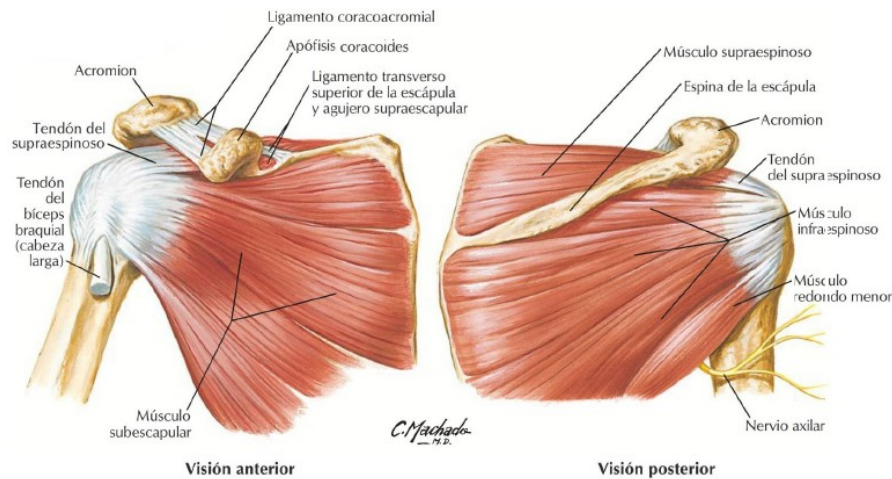


Imagen 8: Músculos rotadores. Vista anterior y posterior. Imagen extraída (11)

Los músculos flexores se encuentran localizados en la parte anterior del brazo. Forman parte de este grupo el **bíceps braquial**, el **braquial anterior** (músculo profundo) y el **braquiorradial** (ver Imagen 9). Por otro lado, los músculos extensores se sitúan en la cara posterior del brazo (ver Imagen 10), situados sobre el húmero y el codo. Este grupo se conforma por el **tríceps braquial** y el **ancóneo**.

Los músculos de los otros dos grupos restantes están involucrados en la pronación y supinación a nivel de la articulación radiocubital y se sitúan en el propio antebrazo. El grupo de los pronadores se conforma por el **pronador redondo** y el **pronador cuadrado** (ver Imagen 11).

El último grupo lo forma el **músculo supinador**, encargado de supinar el antebrazo (rotar la palma hacia arriba). (ver Imagen 12).

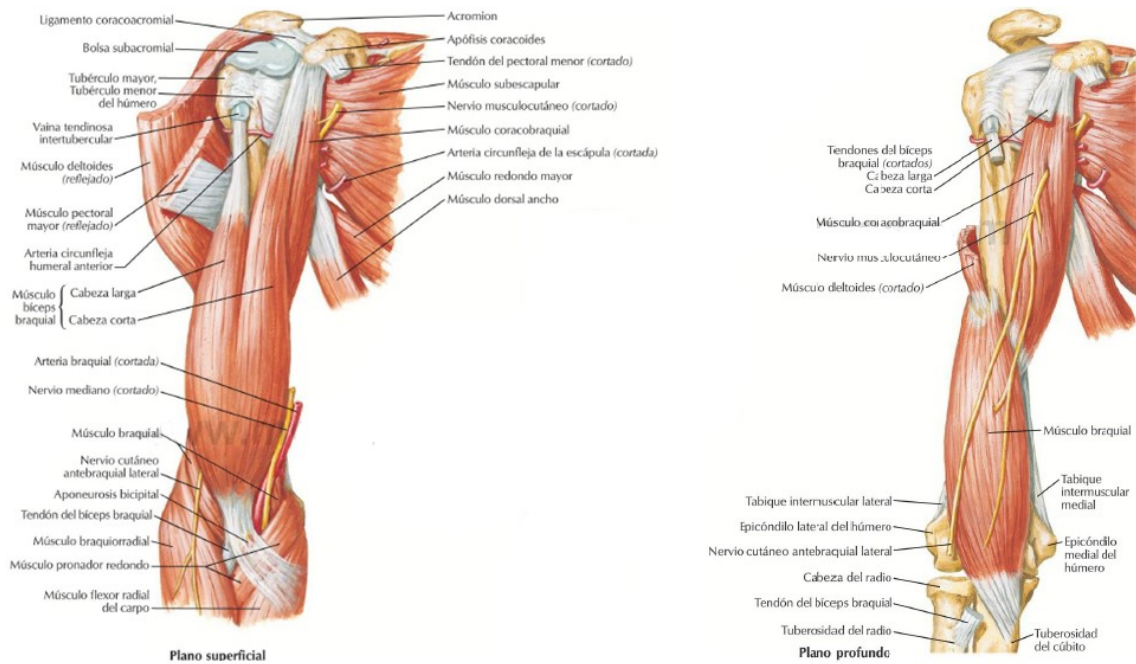


Imagen 9: Músculos flexores. Vista anterior, plano superficial y profundo. Imagen extraída de (11)

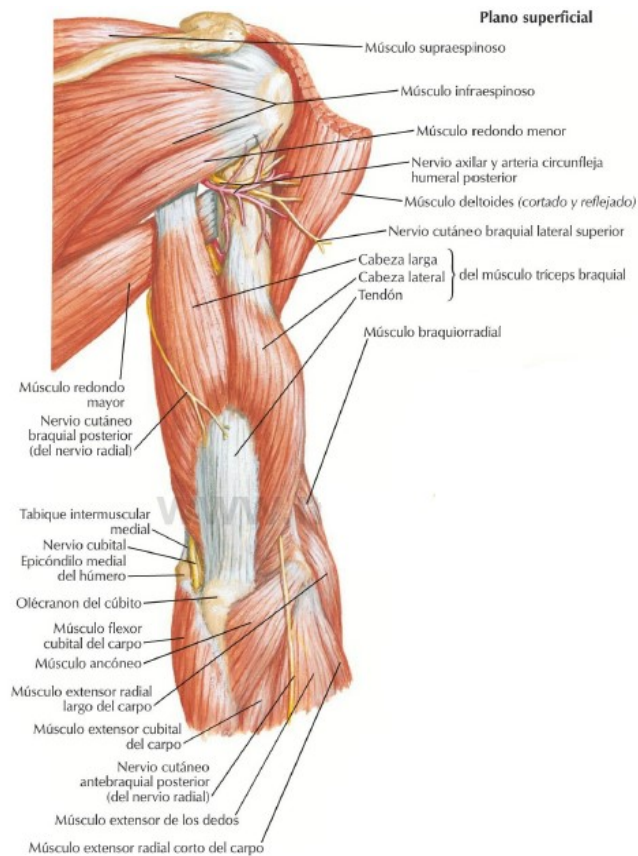


Imagen 10: Músculos extensores. Vista posterior, plano superficial. Imagen extraída de (11)

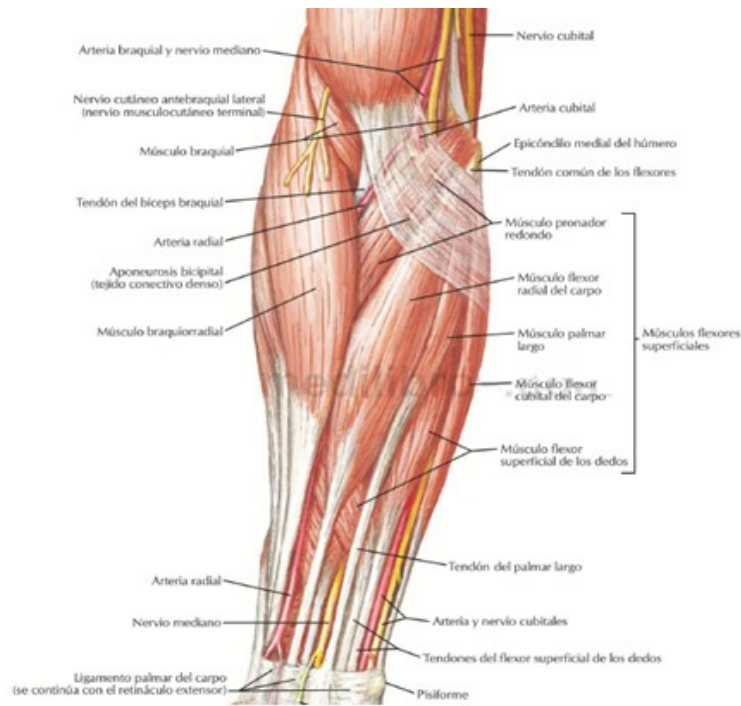


Imagen 11: Vista anterior del antebrazo, plano superficial. Imagen extraída de (11)

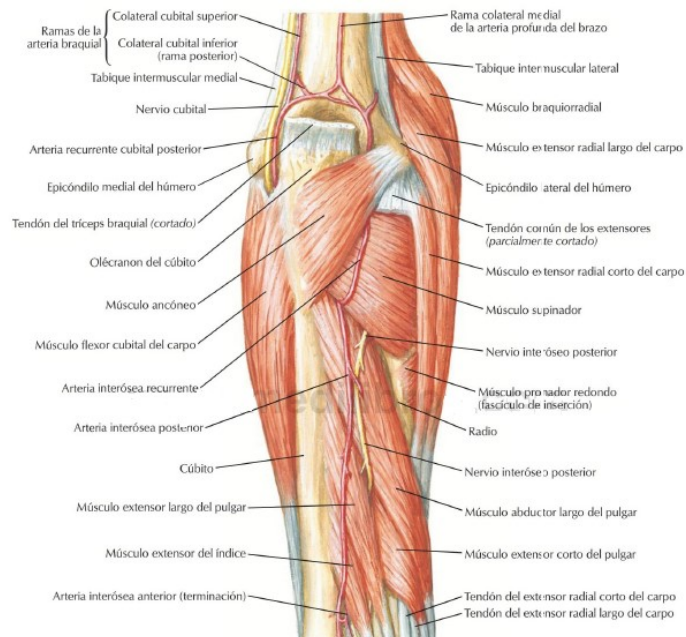


Imagen 12: Vista posterior del antebrazo, plano profundo. Imagen extraída de (11)

2. UNIDAD MÚSCULO-TENDÓN

Las características fisiológicas del músculo están relacionadas con la capacidad de producir movimiento en las partes óseas. Este movimiento se debe también a que la masa muscular presenta capas de tejido conectivo que a su vez se continúan en los extremos del músculo formando el tendón, el cual se fija en los huesos y transmite la fuerza contráctil.

Desde el punto de vista estructural y funcional, se puede considerar que el músculo y el tendón funcionan en conjunto actuando como una unidad, la **unidad músculo-tendón**, con componentes contráctiles y elásticos que movilizan palancas óseas mediante los momentos de fuerza que desarrollan a través del tendón en la inserción muscular (6).

En la siguiente sección, se va a describir la anatomía y la fisiología del músculo y del tendón que en conjunto forman la unidad músculo-tendón. Luego, se analizarán los mecanismos de contracción bajo las teorías del elemento deslizante y de los puentes cruzados, y finalmente se explicará el proceso de excitación muscular, con el objetivo de lograr un buen entendimiento de la contracción muscular.

2.1. ANATOMÍA Y FISIOLOGÍA DEL MÚSCULO ESQUELÉTICO

De acuerdo a la función específica, en el cuerpo existen tres tipos de músculos:

- **Músculo cardíaco (propio del corazón):** Se encargan de la función de bombeo del flujo sanguíneo.
- **Músculos lisos (Órganos):** Son los encargados de mover los órganos viscerales, vasos sanguíneos o glándulas.
- **Músculos esqueléticos o estriados:** Son los causantes del movimiento de los segmentos óseos.

Por otro lado, en el caso de considerar la intención de movimiento, estos pueden ser clasificados como *músculos voluntarios* cuando la vía de activación es el sistema piramidal del Sistema Nervioso Central (SNC) o *músculos involuntarios* cuando la vía de activación parte del Sistema Nervioso Parasimpático (SNP). (12)

Según (12) y (13) el músculo esquelético es un tejido constituido por células contráctiles, capaces de producir movimiento o fuerza que pueden equipararse a motores flexibles y elásticos que se insertan en palancas rígidas, los huesos, de manera que al contraerse producen un giro de estas palancas a través de las articulaciones, las cuales funcionan como puntos de apoyo.

Estos músculos, además de permitirle a los huesos moverse sobre sus articulaciones y así llevar a cabo las actividades de la vida diaria, labores profesionales y actividades físicas y deportivas, proporcionan fuerza y protección al esqueleto distribuyendo cargas, absorbiendo impactos y permitiendo el mantenimiento de la postura corporal. (12) Es por esto que se considera que los músculos esqueléticos realizan tanto trabajo dinámico como trabajo estático. El trabajo dinámico permite la locomoción y el posicionamiento de los segmentos corporales en el espacio, mientras que el trabajo estático es aquel que mantiene la postura o la posición del cuerpo. (14)

Las propiedades del músculo que permiten que realice sus funciones son: excitabilidad, contractibilidad, elasticidad, extensibilidad y plasticidad. (15)

La **excitabilidad** es la facultad de percibir un estímulo y responder al mismo. Por lo que se refiere a los músculos esqueléticos, el estímulo es de naturaleza química: la acetilcolina liberada por la terminación nerviosa motora. La respuesta de la fibra muscular es la producción y propagación a lo largo de su membrana de una corriente eléctrica (**potencial de acción**) que origina la contracción muscular. La **contractibilidad** es la capacidad de contraerse con fuerza ante el estímulo apropiado. La **elasticidad** es la capacidad que tienen las fibras musculares para acortarse y recuperar su longitud de descanso, después del estiramiento. La **extensibilidad** es la facultad de estiramiento. La **plasticidad** es la propiedad que tiene el músculo de modificar su estructura en función al trabajo que efectúa. (15)

Los músculos están constituidos por fibras musculares, tejido conectivo y están recorridos por vasos sanguíneos y fibras nerviosas. En pocas palabras se puede decir que las fibras musculares son la unidad fundamental del músculo esquelético, responsables de las propiedades mencionadas anteriormente, y el tejido conectivo es el soporte del tejido muscular.

2.1.1. FIBRA MUSCULAR

Cada fibra muscular (ver Imagen 13) está formada por una membrana celular denominada sarcolema y por el sarcoplasma. El **sarcolema** es la membrana celular que recubre toda la fibra muscular y presenta finas invaginaciones tubulares (túbulos transversos o **túbulos T**) distribuidas regularmente a lo largo de la fibra muscular a la cual penetran profundamente. Cada una de estas se encuentra asociada a dos cisternas terminales del **retículo sarcoplásmico liso** que son una red de cavidades celulares y constituyen la reserva de calcio necesaria para la contracción muscular. El **sarcoplasma** es el citoplasma de la célula muscular, contiene los **núcleos** de la célula situado en la periferia, las organelas responsables de su funcionamiento (mitocondrias, que en el músculo se llaman **sarcomas**, que son las que producen energía (ATP) directamente utilizable por la fibra muscular para contraer sus

miofibrillas, y **aparato de Golgi**), reservas importantes de **glucógeno** (combustible de la célula muscular), así como la **mioglobina** (proveedor de oxígeno de la célula muscular) y el **citoesqueleto** que constituye el armazón celular. La parte fundamental del citoesqueleto muscular está constituida por **miofibrillas** que son los elementos contráctiles de las células de los músculos esqueléticos, responsables del carácter estriado del músculo. A su vez cada miofibrilla está formada por una cadena de unidades contráctiles repetitivas, los **sarcómeros** (16) (17) (18).

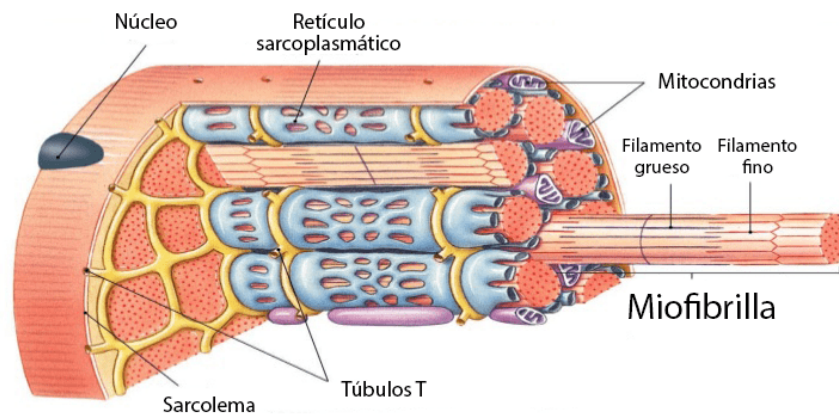


Imagen 13: Estructura de la fibra muscular. Imagen extraída de (19).

Cuando se observan las miofibrillas con un microscopio, como se muestra en la Imagen 14, se pueden observar diferentes bandas y líneas de forma alternada.

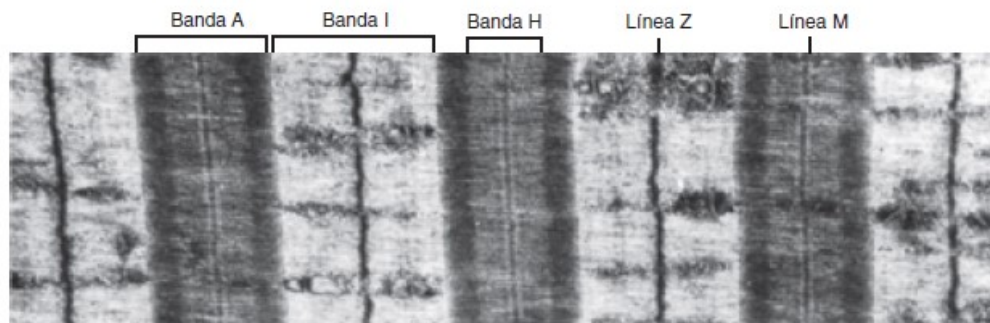


Imagen 14: Micrografía electrónica del músculo esquelético humano. Imagen extraída de (19).

El sarcómero es la unidad funcional básica de una miofibrilla, y está compuesto por filamentos de actina y de miosina. La **miosina** es un filamento grueso, localizada típicamente en el centro del sarcómero. La miosina se dobla formando dos cabezas globulares en un extremo. Éstas contienen sitios de enlace para la **actina**, filamento delgado de la miofibrilla. Dado que las cabezas de miosina tienen la habilidad para establecer un enlace entre los filamentos grueso y delgado, han sido llamadas **puentes cruzados**. Las cabezas de miosina están dispuestas de tal forma que tiran los filamentos de actina hacia la parte central del sarcómero (16) (17).

Cada filamento delgado de actina, se compone en realidad de tres tipos de moléculas:

- **Actina:** Forma la columna vertebral del filamento. Cada molécula de actina tiene un lugar de enlace activo que sirve de punto de contacto con la cabeza de miosina.
- **Tropomiosina:** Es una proteína en forma de tubo que se enrolla alrededor de hilos de actina.
- **Troponina:** Es una proteína más compleja que se une a intervalos regulares a los dos hilos de actina y a la tropomiosina.

La tropomiosina y la troponina actúan junto con iones de calcio para mantener la relajación o para iniciar la acción de la miofibrilla, es decir el elemento contráctil. (17).

Como se puede ver en la Imagen 15, donde se muestra la estructura del sarcómero, las **bandas A** (bandas oscuras) corresponde con la zona donde se intercalan filamentos de actina y miosina, que a su vez se subdivide en:

- **Banda H:** Zona donde solo hay filamentos de miosina y que solo aparece cuando el sarcómero está en reposo.
- **Línea M:** Zona donde la miosina se encuentra unida a la miosina adyacente.

Las **bandas I** (bandas claras) compuesta por los filamentos finos de actina que nacen desde la **línea Z** (Sector donde se encuentran unidas las actinas adyacentes y se mantiene la continuidad con el sarcómero subsiguiente).

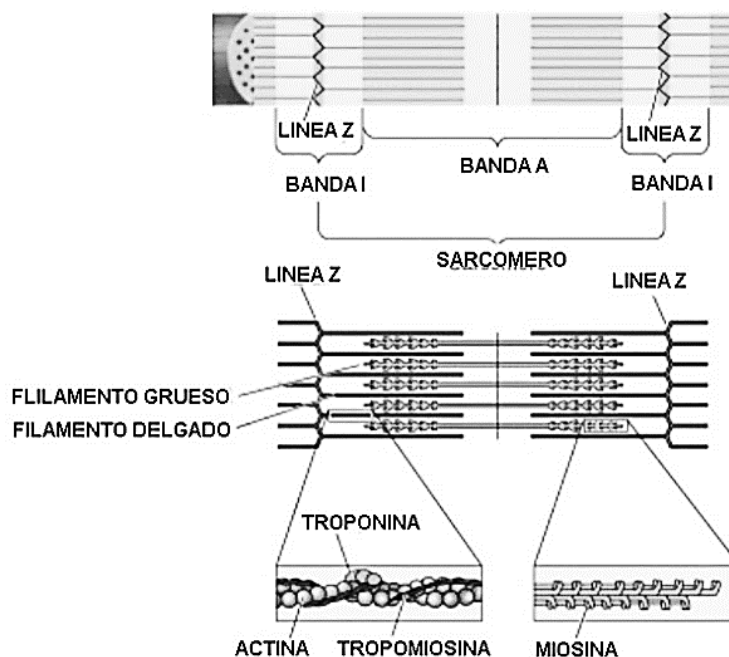


Imagen 15: Imagen ilustrativa de la estructura del Sarcómero.

2.1.2. TEJIDO CONECTIVO

Como se observa en la Imagen 16, cada fibra muscular se encuentra rodeada por una delgada capa de tejido conectivo reticular que contiene numerosos capilares y fibras nerviosas denominada **endomisio**, la cual conecta las fibras individuales dentro de un fascículo cuyo grosor varía según la actividad muscular. Cada fascículo está rodeado por septos de tejido conectivo con abundantes fibras de colágeno con presencia de abundantes capilares y fibras nerviosas denominado **perimisio**. Los fascículos se agrupan para formar los músculos y se encuentran rodeados por una banda de tejido conectivo denso irregular con abundantes fibras de colágeno tipo I y II y fibras elásticas que se denomina **epimisio**, a través del cual penetran las arterias y los nervios de los músculos, ramificándose por el perimisio y endomisio para llevar el riego y la inervación a las fibras musculares. (13) (15)

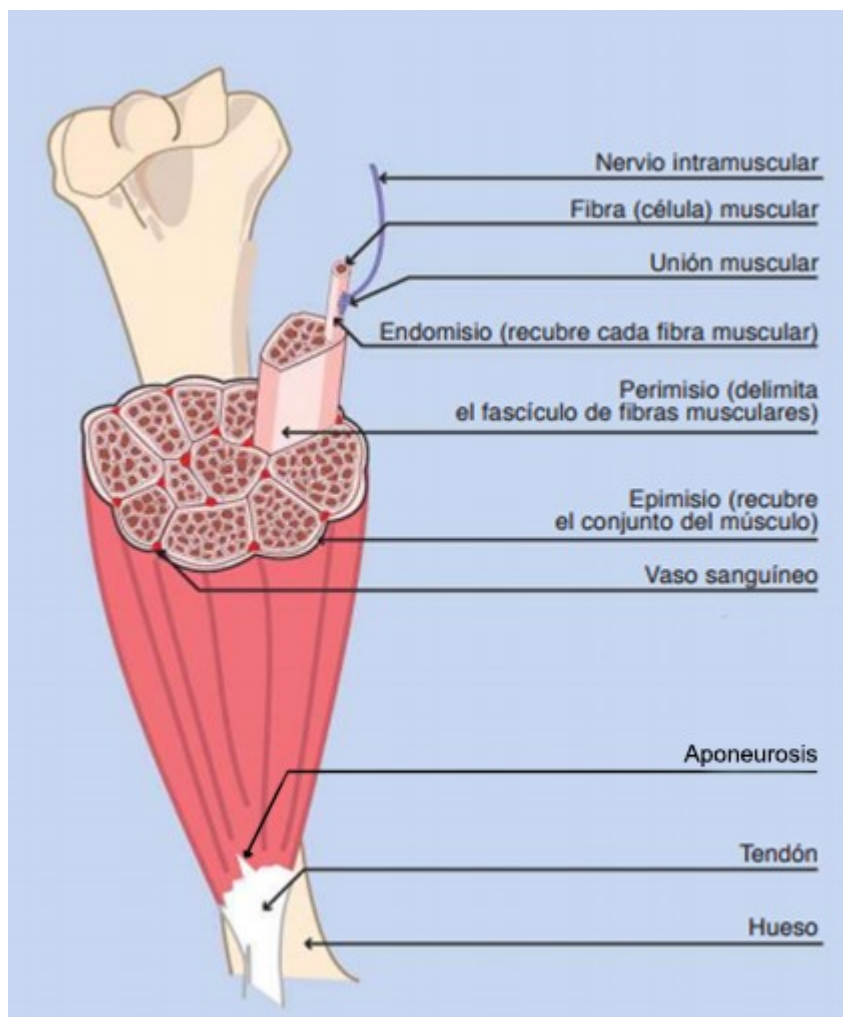


Imagen 16: Estructura anatómica del músculo esquelético. Imagen extraída (15).

Estas capas conjuntivas (también llamadas **miofascias**) mantienen las fibras musculares unidas, designando la forma de los músculos y manteniendo la masa muscular en una posición funcional

óptima permitiendo incrementar la eficacia mecánica de los movimientos ya que la fuerza de contracción generada por cada fibra individualmente actúa sobre el músculo entero, contribuyendo así a su contracción.

En la Imagen 17 se puede observar la estructura organizativa del músculo desde la escala macro hasta la micro, mencionada anteriormente.

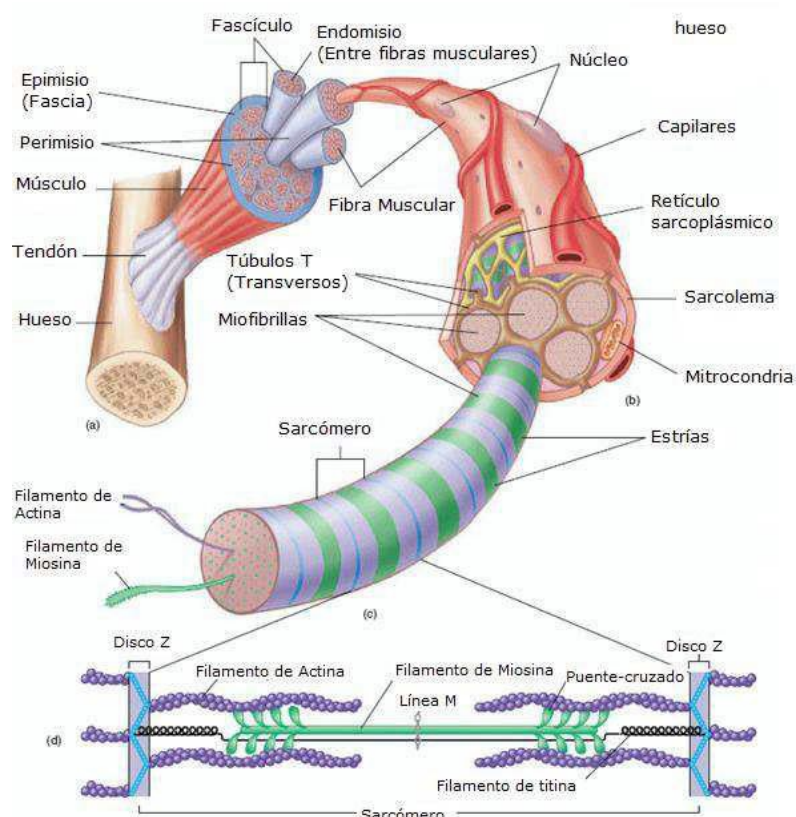


Imagen 17: Estructura organizativa del músculo desde la escala macro hasta la micro.

2.2. ESTRUCTURA DEL TENDÓN

Los tendones y tejidos conectivos asociados al músculo, son estructuras viscoelásticas que ayudan a determinar sus características mecánicas y tienden a mantener al músculo en buena disposición para la contracción. Aseguran que la fuerza muscular sea producida y transmitida suavemente durante la contracción, y garantizan que los elementos contráctiles vuelvan a sus posiciones de reposo cuando cesa la contracción (14).

Se puede decir entonces que el tendón es una estructura anatómica situada entre el músculo y el hueso cuya función es transmitir la fuerza generada por el primero al segundo, dando lugar al

movimiento articular. Su relación con ambos se establece en dos regiones especializadas: la unión miotendinosa y la unión osteotendinosa.

Clásicamente el tendón viene definido como tejido conjuntivo denso modelado, escasamente vascularizado, caracterizado por tener células y fibras conjuntivas ordenadas en haces paralelos y muy juntas, al objeto de proveer la máxima resistencia. A pesar de tratarse de estructuras duras e inextensible, los tendones son flexibles.

Desde el punto de vista histológico está conformado por una **matriz extracelular**, compuesta por agua, proteoglicanos y glicaminoglicanos, que le otorga al tendón propiedades viscoelásticas, da lubricación y el espacio necesario para el desplazamiento y entrecruzamiento de los tejidos; **fibras de colágeno (tipo I)**, que son la base del tejido conectivo, y representan entre el 60% al 80% del peso seco del tendón; relativamente pocas células entre las que se encuentran los **fibroblastos**, responsables de la formación de los componentes fibrosos del tejido conectivo, de la síntesis extracelular de las proteínas de la matriz (por ejemplo, colágeno, elastina, proteoglicanos) y de producir una matriz de colágeno organizada que se alinea entre los haces de fibras de colágeno; y **fibras elásticas** compuestas por la **elastina** que representa entre el 2% al 5% del peso seco del tendón. (20)

Macroscópicamente el tendón está formado por tejido conectivo que rodea las fibras y fascículos musculares, convergen y salen del músculo para convertirse en tendón. (20) Los tendones, al igual que el músculo, presenta una arquitectura jerárquica bien definida que puede comprenderse fácilmente con la Imagen 18.

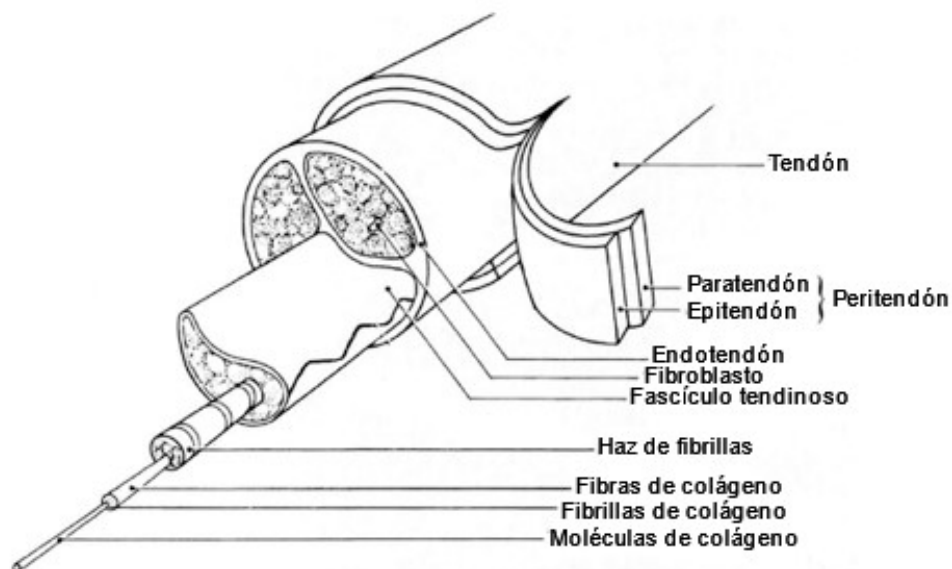


Imagen 18: Estructura organizativa del tendón desde la escala macro hasta la micro. Imagen extraída de (21).

El **tropocolágeno** es la unidad básica funcional del colágeno, una proteína larga y delgada, que se une y alinea paralelamente para formar las fibrillas, las cuales se unen en paralelo formando las fibras, las cuales se alinean igual que las anteriores formando los haces de fibras de colágeno, que van a formar fascículos para finalmente el conjunto de estos últimos formar el tendón.

Los fascículos quedan separados entre sí por un tejido conectivo denominado **endotendón**, el cual permite un movimiento relativo de los fascículos de colágeno soportando los vasos sanguíneos, nervios y fluidos linfáticos. El endotendón es consecuencia de la proyección hacia el interior de extensiones del **epitendón**, que rodea externamente al tendón, continuándose directamente con el **epimisio**. (22). Los tendones están rodeados por una tercera capa de tejido conectivo llamado **paratendón**. Entre el epitendón y el paratendón existe un fluido con la finalidad de prevenir la fricción entre ambas capas del tejido durante el movimiento. El epitendón y el paratendón conforman el llamado **peritendón**, que reduce la fricción con el tejido adyacente (23).

2.3. BASES MOLECULARES DE LA CONTRACCIÓN

2.3.1. POTENCIAL DE ACCIÓN

Las células excitables como las neuronas o las fibras musculares tienen la capacidad de generar señales eléctricas, denominados **potenciales de acción** (que en las neuronas pueden llamarse impulsos nerviosos) que son las únicas respuestas eléctricas de las neuronas y otros tejidos excitables, siendo por lo tanto, el lenguaje principal del sistema nervioso representando un factor importante en la fisiología muscular. Este fenómeno puede explicarse por un modelo de membrana semipermeable que describe las propiedades eléctricas del sarcolema. Una diferencia iónica entre los espacios internos y externos de una célula muscular forma un **potencial de reposo** en la membrana de la fibra muscular (aproximadamente de -80 a -90 mV cuando no se contrae). Esta diferencia de potencial que se mantiene mediante procesos fisiológicos como la bomba de iones y canales iónicos da como resultado una carga intracelular negativa en comparación con la superficie externa. (24)

Resumiendo, se puede decir que los potenciales de acción son el resultado de los cambios en las permeabilidades de la membrana, es decir los canales iónicos cambian el tiempo que permanecen abiertos o cerrados, y por ende cambian el flujo de iones modificando el potencial de reposo.

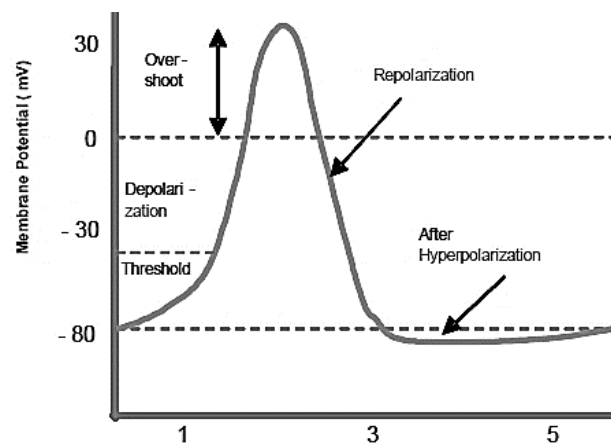


Imagen 19: Fases del potencial de acción. Imagen extraída de (25).

Las sucesivas fases del potencial de acción (se pueden ver en la Imagen 19) son (24):

- **Fase de reposo:** los canales de K^+ abiertos crean el potencial de reposo.
- **Fase de despolarización:** En esta fase la membrana se hace súbitamente muy permeable a los iones sodio (Na^+), lo que permite que un gran número de estos iones con carga positiva difundan hacia el interior de la membrana, provocando que el potencial aumente rápidamente en dirección positiva hasta que finalmente alcanza cierto voltaje (habitualmente algún punto entre -70 y -50 mV) que produce un cambio conformacional súbito en los canales de Na^+ que hace que la permeabilidad de la membrana al sodio aumente hasta 10 veces, lo que se denomina **estado activo**. El mismo aumento de voltaje que activa las compuertas para el Na^+ también las cierra y así los conductos de Na^+ entran en un **estado inactivo**. Sin embargo, el cambio conformacional que hace que los canales de Na^+ entren en un estado cerrado es un proceso algo más lento que el cambio conformacional que los abre. Por tanto, después de que el canal de sodio ha permanecido abierto durante algunas diezmilésimas de segundo se cierra y los iones sodio ya no pueden pasar hacia el interior de la membrana. En este punto el potencial de membrana comienza a recuperarse de nuevo hacia el estado de membrana en reposo, lo que da comienzo a la siguiente fase.
- **Fase de repolarización:** En esta fase los canales de potasio se abren más de lo normal. De esta manera, la rápida difusión de los iones potasio (K^+) hacia el exterior restablece el potencial de membrana en reposo negativo normal. Esto se denomina repolarización de la membrana. El regreso lento de los conductos de K^+ al estado cerrado también explica la **hiperpolarización** ulterior, la cual es importante en la transmisión de información.
- **Fase de Hiperpolarización:** impide a la neurona recibir otro estímulo durante este tiempo, o al menos eleva el umbral para cualquier nuevo estímulo y así asegura que la señal avance en una dirección. Después de la **hiperpolarización**, la bomba Na^+/K^+ lleva finalmente a la membrana, de vuelta a su estado de reposo.

El potencial de membrana en reposo en las fibras esqueléticas es de -80 mV a -90 mV aproximadamente, mientras que la duración del potencial en el músculo esquelético es de 1 a 5 ms y la velocidad de conducción va de 3 a 5 m/s. (24)

Este inicio explosivo del potencial de acción se basa en la **ley del todo o nada**. Lo que significa que una vez que se alcanza el umbral de intensidad, se produce un potencial de acción completo, donde los incrementos adicionales en la intensidad de un estímulo no producen aumento ni otro cambio en el potencial de acción, es decir, ocurre con amplitud y forma constantes sin importar la fuerza del estímulo y de igual manera no se produce ningún potencial de acción si la magnitud del estímulo es menor al umbral. Este potencial de acción que se desencadena en cualquier punto de una membrana excitable habitualmente excita porciones adyacentes, dando lugar a la propagación del potencial de acción a lo largo de la membrana. (24)

2.3.2. UNIÓN NEUROMUSCULAR

La contracción del músculo esquelético se produce de forma voluntaria cuando, desde la corteza cerebral, se envía el estímulo que desciende por el sistema piramidal (vía motora voluntaria) hasta la zona de la médula espinal correspondiente al músculo a contraer. Desde allí, el impulso nervioso, se propaga por grandes axones mielínicos de las alfa-motoneuronas llegando al músculo cerca de su inserción proximal y penetrando en el mismo profundamente (Imagen 20). Por lo tanto, la actividad muscular está controlada por el sistema nervioso y la estructura básica en torno a la cual se articula la fisiología muscular es la **unidad motora**, la cual está formada por una **motoneurona**, neurona especializada en la transmisión de señales de movimiento situada en la médula espinal; su prolongación, o **axón**, que forma el nervio periférico; y el conjunto de **fibras musculares** inervadas por la motoneurona. Cada terminación nerviosa forma una unión, denominada **unión neuromuscular**, con la fibra muscular. (19) (24) (26)

En dicha unión, la fibra nerviosa forma un complejo de terminaciones nerviosas ramificadas que se invaginan en la superficie de la fibra muscular, pero permanecen por fuera de la membrana plasmática de la misma. Toda la estructura se denomina placa motora terminal (ver

Imagen 21). La membrana invaginada se denomina **botón sináptico** y el espacio que hay entre la terminación y la membrana de la fibra se denomina **espacio sináptico**. En el fondo del botón hay pliegues más pequeños de la membrana de la fibra muscular denominados **hendiduras subneurales**, que aumentan el área superficial en la que puede actuar el transmisor sináptico. En la terminación

axónica hay muchas mitocondrias que proporcionan ATP, la cual es la fuente de energía que se utiliza para la síntesis del transmisor excitador, denominado **acetilcolina**.

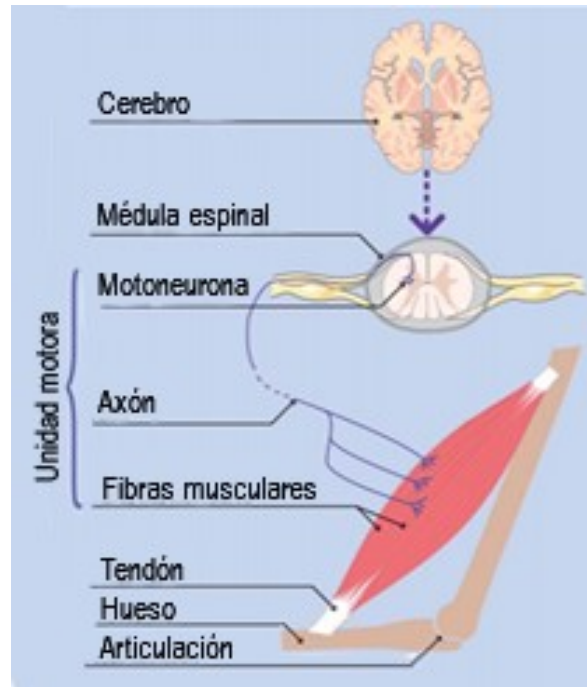


Imagen 20: Actividad muscular controlada por el sistema nervioso. Imagen extraída de (15).

La acetilcolina es la encargada de excitar a la membrana de la fibra muscular, y se sintetiza en el citoplasma de la terminación, pero se absorbe rápidamente hacia el interior de muchas pequeñas vesículas sinápticas. En el espacio sináptico hay grandes cantidades de la enzima acetilcolinesterasa, que destruye la acetilcolina algunos milisegundos después de que la hayan liberado las vesículas sinápticas. (19) (24) (26)

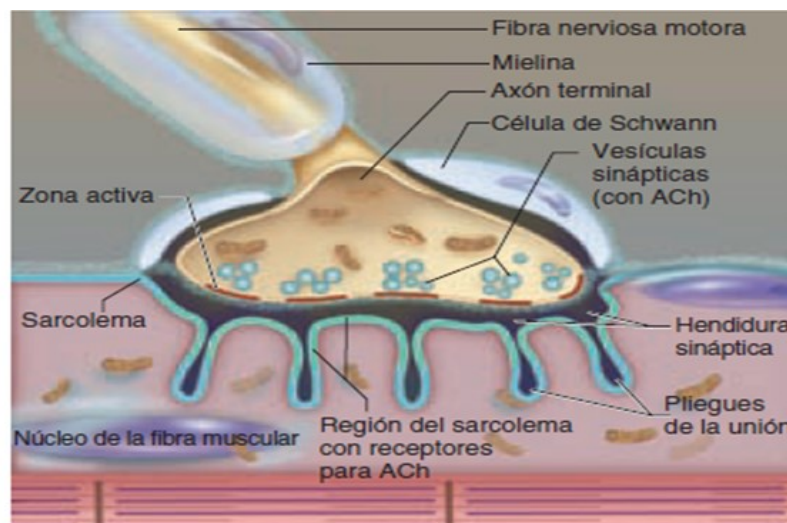


Imagen 21: Placa motora terminal. imagen extraída de (19).

El impulso que llega al final de la neurona motora aumenta la permeabilidad de sus terminaciones al calcio (canales de calcio activados por voltaje). Los iones calcio (Ca^{2+}) entran en las terminaciones y activan un aumento marcado en la exocitosis de las vesículas que contienen acetilcolina. Esta última difunde a los receptores nicotínicos para acetilcolina de tipo muscular, que se hallan concentrados en las partes superiores de los pliegues de la unión en la membrana de la placa terminal motora. La unión de la acetilcolina con estos receptores aumenta la conductancia a los iones sodio y potasio de la membrana; la entrada consecuente de iones sodio genera un potencial despolarizante, *el potencial de placa terminal*. El vertedero de corriente creado con este potencial local despolariza la membrana muscular adyacente hasta su nivel de activación. Luego, la acetilcolina se elimina de la hendidura sináptica por acción de la acetilcolinesterasa, cuya concentración en la unión neuromuscular es alta. A su vez, este potencial de la placa terminal inicia un potencial de acción que se propaga a lo largo de la membrana muscular. Estos fenómenos se pueden ver en Imagen 22. (19) (24) (26)

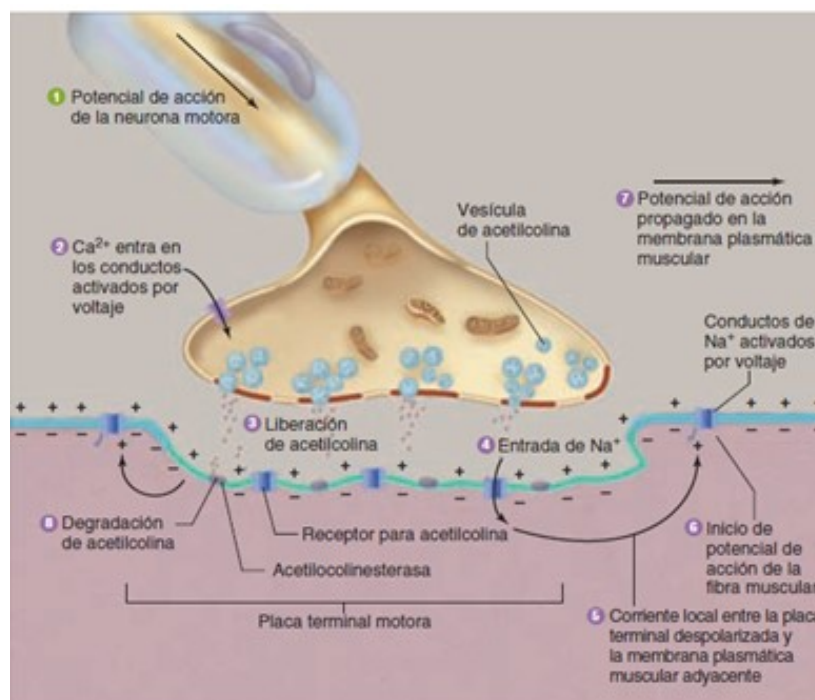


Imagen 22: Fenómenos en la unión neuromuscular que conducen a un potencial de acción en la membrana plasmática de la fibra muscular. Imagen extraída de (19).

Sin embargo, para producir una contracción muscular máxima la corriente debe penetrar en las zonas profundas de la fibra muscular hasta la vecindad de las miofibrillas individuales. Esto se consigue mediante la transmisión de los potenciales de acción a lo largo de los túbulos T, que penetran a lo largo de toda la fibra muscular desde un extremo de la fibra hasta el otro. Estos túbulos T se relacionan con el retículo endoplasmático liso el que se caracteriza por presentar una concentración elevada de iones calcio, y son estos iones los que permiten la contracción muscular.

2.3.3. CONTRACCIÓN MUSCULAR

El proceso por el cual se produce la **contracción muscular** propiamente dicha es el deslizamiento de los filamentos finos sobre los gruesos en cada miofibrilla. El acortamiento no se debe a cambios en la longitud real de los filamentos, sino al aumento en la superposición de los mismos dentro de la célula muscular. El ancho de las bandas A es constante, mientras que las líneas Z se aproximan entre sí cuando el músculo se contrae (desaparece la banda H y se comprime la banda I). El deslizamiento durante la contracción muscular ocurre cuando las cabezas de miosina se unen con firmeza a la actina, se flexionan en la unión de la cabeza con el cuello y luego se desprenden. Este proceso es denominado **golpe de poder** y depende de la hidrólisis simultánea de ATP. La Imagen 23 muestra la secuencia probable de fenómenos del golpe de poder.

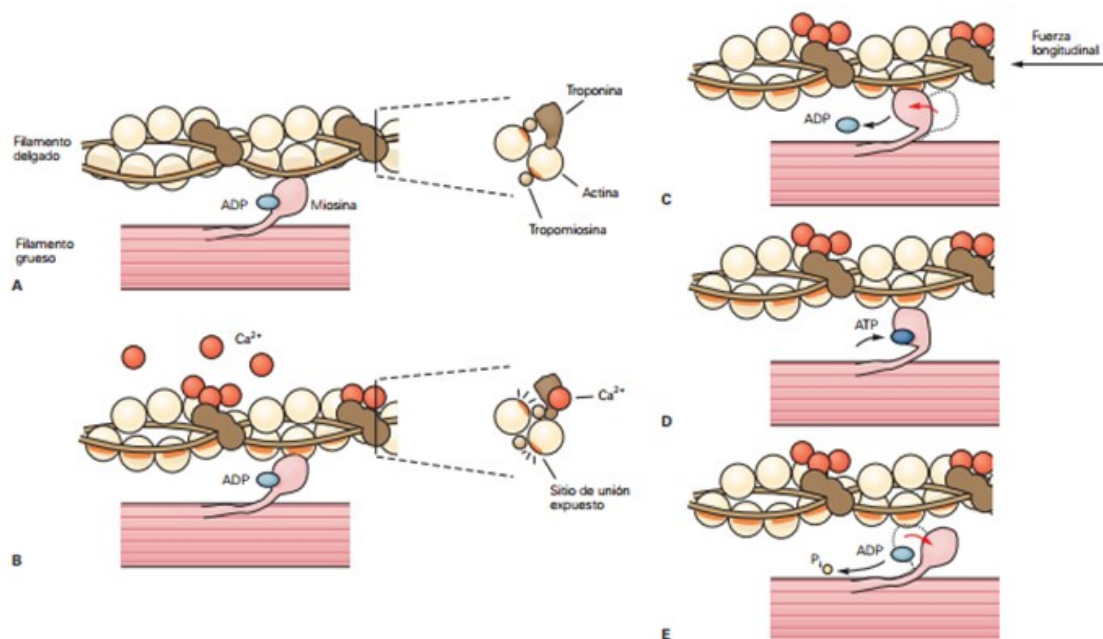


Imagen 23: Golpe de poder de la miosina en el músculo estriado. A) En reposo, las cabezas de miosina están unidas al ADP y no tienen Ca^{2+} unido con el complejo troponina-tropomiosina. B) El Ca^{2+} unido al complejo troponina-tropomiosina indujo un cambio en la conformación del filamento delgado. C) Las cabezas de miosina giran, mueven la actina unida y acortan la fibra muscular, lo que constituye el golpe de poder. D) Al final del golpe de poder, el ATP se une con un nuevo sitio expuesto e induce la separación del filamento de actina. E) El ATP se hidroliza en ADP y esta energía química se usa para "erguir de nuevo" la cabeza de miosina.

En el músculo en reposo, la troponina I se une con la actina y la tropomiosina, y cubre los sitios de la actina donde las cabezas de miosina interactúan. Estas últimas además contienen ADP unido con fuerza. Después de un potencial de acción, aumenta el Ca^{2+} citosólico y el Ca^{2+} libre se une con la troponina C. Esta unión induce el debilitamiento de la interacción de troponina I con la actina y expone el sitio de unión de la actina para la miosina a fin de permitir la formación de puentes cruzados de miosina-actina. Cuando se forma el puente cruzado se libera ADP, lo que induce un cambio en la

conformación de la cabeza de miosina que mueve el filamento delgado sobre el filamento grueso y comprende el “golpe de poder” del puente cruzado. En ese momento otro ATP se une rápidamente con el sitio libre en la miosina, lo que hace que la cabeza de miosina se desprenda del filamento delgado. El ATP se hidroliza y se libera fosfato inorgánico (Pi), lo que produce que se complete el ciclo y se vuelva a repetir lo mismo constantemente siempre que el Ca^{+} permanezca elevado, se disponga de ATP suficiente y que los sitios de unión de la actina estén expuestos. El ATP cumple al menos dos funciones fundamentales en la contracción muscular, la primera es desenlazar la miosina y la actina al iniciar el ciclo y la segunda es brindar la energía requerida para la contracción al ser hidrolizada por la miosina. (19) (24) (26)

Finalmente, la **relajación muscular** es el resultado del fin del impulso nervioso en la placa neuromuscular. Para que se produzca dicha relajación, se debe eliminar el Ca^{+} del citoplasma celular y se debe aportar una molécula de ATP a la miosina. Para que la concentración de dicho ion disminuya en la célula muscular se requiere de la acción de la **bomba Ca^{+} ATP-asa sarcoplásmica (SERCA)**. La bomba SERCA utiliza energía de la hidrólisis del ATP para eliminar Ca^{+} del citosol y regresarlo a las cisternas terminales, donde se almacena hasta que lo libera en el potencial de acción siguiente. Una vez que la concentración de Ca^{+} fuera del retículo ha disminuido lo suficiente, cesa la interacción química entre la miosina y la actina, y el músculo se relaja, ya que la tropomiosina vuelve a su lugar original y tapa los sitios de unión de las cabezas de miosinas. Nótese que el ATP aporta la energía tanto para la contracción como para la relajación (a través de la SERCA). (19) En la Imagen 24 e Imagen 25 se pueden observar de manera resumida los pasos que se llevan a cabo en la contracción y relajación respectivamente.

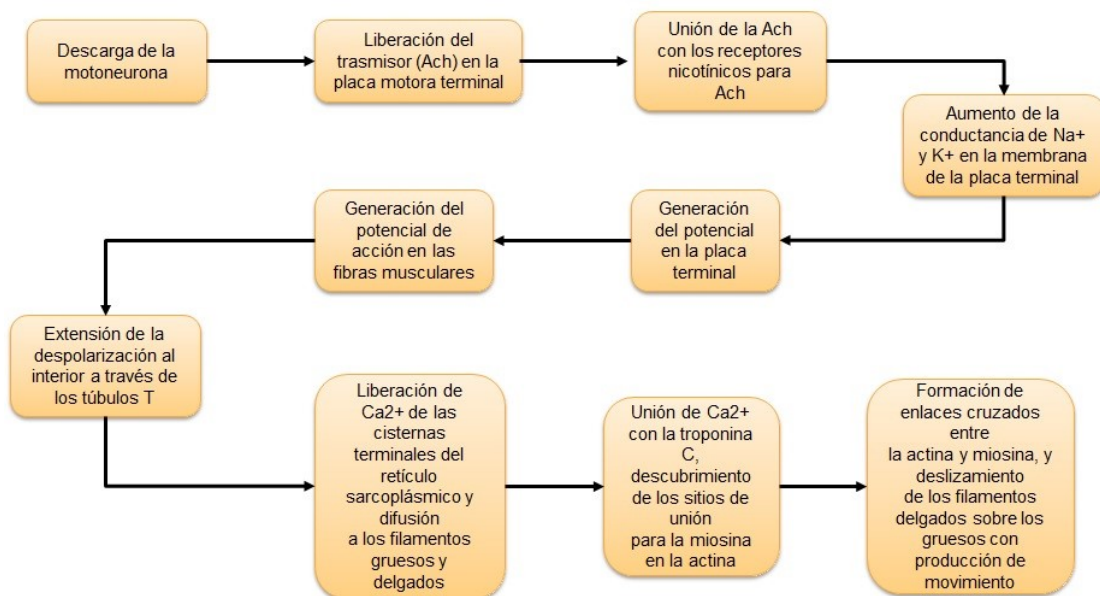


Imagen 24: Resumen de los pasos de la contracción. Cuadro modificado de (19).

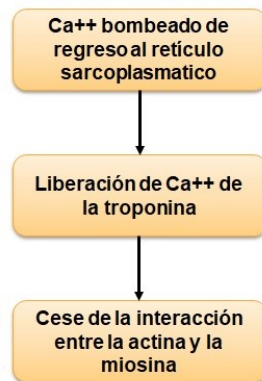


Imagen 25: Resumen de los pasos de la relajación. Cuadro modificado de (19).

2.4. MECÁNICA DE LA CONTRACCIÓN MUSCULAR

Hasta ahora se ha presentado la contracción del músculo a nivel de una única fibra, pero en esta sección se va a exponer cómo es posible escalar este comportamiento directamente a todo el músculo. Para esto se requiere diferenciar el tipo de fibra que constituye el músculo y la manera como estas son estimuladas fisiológicamente.

Las neuronas especializadas en la transmisión de señales de movimiento son las **motoneuronas**. Una sola motoneurona asociada con numerosas fibras musculares constituye la unidad más pequeña de fuerza que puede ser activada para producir movimiento, por lo que recibe el nombre de **unidad motora**. El número de fibras musculares que forman una unidad motora está muy relacionado con el grado de control requerido del músculo. En músculos pequeños que realizan movimientos finos cada unidad motora podría contener menos de una docena de fibras musculares, como por ejemplo los músculos del ojo, en cambio, en los músculos que realizan movimientos gruesos la unidad motora podría contener miles de fibras musculares (14).

Las fibras musculares pertenecientes a una unidad motora son del mismo tipo, es decir, presentan características mecánicas y eléctricas similares. Las fibras de cada unidad motora se distribuyen en diferentes lugares de la sección transversal del músculo intercalándose con otras unidades motoras. De este modo, se asegura que la contracción se produzca de forma equilibrada. Los diferentes tipos de fibras se encuentran en diferentes proporciones en cada músculo atendiendo a la función que este ha de realizar (27) (28) (29).

En un músculo, las fibras que lo componen están conectadas a diferentes unidades motoras, permitiendo que se generen diferentes grados de fuerza y dando la posibilidad de ejecutar con los mismos grupos musculares toda una variedad de movimientos, ya sea de habilidad, de fuerza o de

resistencia (30). Por su parte, el impulso nervioso es el encargado de controlar cuándo y en qué cantidad debe activarse cada unidad motora y así mantener la fuerza solicitada. Para este efecto, el sistema nervioso central usa dos estrategias: o recluta un número mayor de unidades motoras (*sumación espacial*) o incrementa la frecuencia con que es enviada la señal (*sumación temporal*).

2.4.1. TIPOS DE FIBRAS MUSCULARES

Existen diferentes tipos de fibras musculares según sus características morfológicas y funcionales y diferentes métodos de diferenciación de fibras que actualmente son la histoquímica, la inmunología y la electroforesis. La nomenclatura clásica, propuesta por Brooke y Kaiser en 1970, está basada en la tinción histoquímica de la ATPasa de la cabeza de la miosina, permitiendo así distinguir dos grandes tipos de fibras, en base a sus propiedades contráctiles, las **fibras lentas** (tipo I) y **rápidas** (tipo II), con subtipos: IIa, IIb).

A nivel morfológico, la molécula de miosina está compuesta por seis cadenas polipeptídicas, dos cadenas pesadas que se enrollan entre sí en espiral y cuatro ligeras. Las diferentes isoformas de las cadenas pesadas son las responsables de la diferencia de las fibras. Esta diferencia a nivel morfológico es la que determina la diferencia funcional a nivel de la velocidad de actuación de la ATPasa de la cabeza de miosina, es decir, la contractilidad de las fibras está en función a la rapidez con la que el complejo actino-miosina hidroliza ATP.

En la Imagen 26 se muestra qué porcentaje de fibras se recluta de acuerdo al grado de fuerza requerido, mientras que en la figura derecha superior se muestra la fuerza y duración de cada sacudida que es capaz de realizar cada uno de los tipos de fibras.

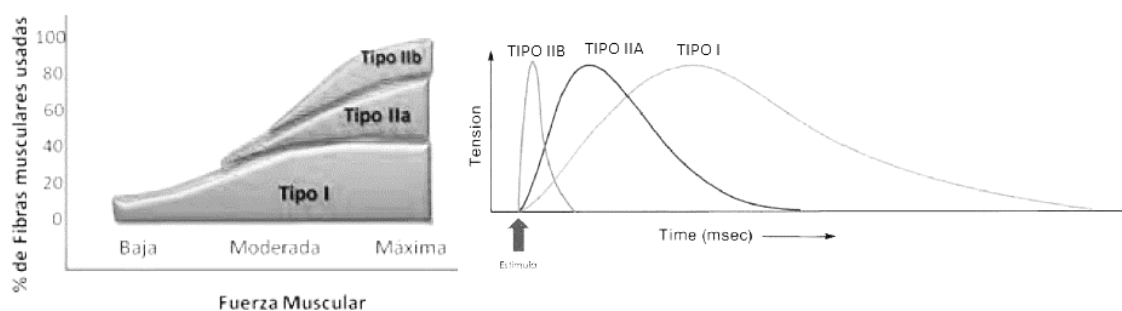


Imagen 26: Izq: Porcentaje de fibras se recluta de acuerdo al grado de fuerza requerido. Der: la fuerza y duración de cada sacudida que es capaz de realizar cada uno de los tipos de fibras.

Las fibras rápidas (de tipo II) están inervadas por motoneuronas capaces de transmitir a altas frecuencias y a gran velocidad. Como resultado, estas fibras son capaces de contraerse rápidamente y generar un desarrollo de fuerza entre 3 a 5 veces mayor que las fibras lentas, pero pueden mantener la fuerza poco tiempo. Esta mayor velocidad de acción se podría deber a que estas fibras poseen un

retículo sarcoplásmico más desarrollado, siendo propenso a la liberación de calcio cuando se estimulan estas fibras. Numerosos trabajos han confirmado que las fibras rápidas (tipo II) presentan una actividad ATPasa de alta velocidad, mayor en las fibras IIB (serían las más rápidas), y más lento en las fibras IIA (serían las más lentas dentro de las rápidas). La actividad de estas fibras rápidas se basa en sistemas glicolíticos, es decir, emplean la glucosa de la sangre y el glucógeno de los músculos.

Dentro de los subtipos de fibras rápidas, las de tipo IIB son las que presentan una mayor capacidad glicolítica anaerobia y menos oxidativa, mientras que las IIA presentan mayor capacidad oxidativa que glicolítica anaerobia, por poseer mayor cantidad de mitocondrias, lo que le permite producir energía a partir del sistema oxidativo.

Las fibras lentas (de tipo I) están inervadas por motoneuronas que transmiten a frecuencias y velocidades más bajas, pero pueden mantener una fuerza menor durante más tiempo (28). Presentan una actividad de ATPasa que es la de menor velocidad máxima y están adaptadas para la obtención de energía aeróbica gracias a la actividad de enzimas oxidativas y a una gran cantidad de mitocondrias. Esta necesidad de oxígeno, se les aporta por medio de numerosos capilares, que son los que dan el tono rojizo a los músculos con predominancia de este tipo de fibras.

Tabla 1: Parámetros característicos de cada tipo de fibra:

Parámetros de Fibra	TIPO I	TIPO IIA	TIPO IIB
Resistencia a la fatiga	Alta	Media	Baja
Diámetro (µm)	Pequeño (1,730)	Medio (2,890)	Grande (5,290)
Velocidad de Contracción	Lenta	Rápida	Rápida
Metabolismo	Oxidativo	Glucolítico,Oxidativo	Glucolítico
Capacidad Aeróbica	Muy Alta	Baja	Muy Baja
Capacidad Anaeróbica	Baja	Alta	Muy Alta
Tipo de contracción	Lenta	Rápida	Rápida
Fuerza Desarrollada	Baja	Alta	Muy Alta
Unidad Motora	Pequeña	Grande	Muy Grande
Nº de Capilares	Muchos	Pocos	Muy Pocos
Reserva de Glucógeno	Muy Grande	Baja	Muy Baja
Densidad de Mitocondrias	Muy Grande	Media	Muy Baja
Tiempo de Contracción (mS)	60 - 110	30 - 35	20 - 47
Frecuencia de Contracción Hz	5 - 15	15 - 40	50 - 100
Actividad de la ATPasa	Baja	Alta	Alta
Tipos de deportes en los que predominan	Resistencia Maratonés, Ciclismo	Se pueden orientar hacia las del TIPO I o TIPOIIB	Velocidad y Fuerza Muscular Pesas, 100m

Los ejercicios de intensidad muy baja se realizan mediante la intervención de un número reducido de fibras del tipo I, son reclutadas cuando se requiere un ejercicio de larga duración, pero de poca fuerza, son característica de deportes de resistencia como en el ciclismo o un maratón. Las fibras del tipo II se activan cuando la intensidad del ejercicio es tan elevada que supera las reservas de glucógeno de las de tipo I. las fibras del tipo IIA, son unas fibras intermedias capaces de trabajar a una fuerza media a tiempos medio y ser resistentes a la fatiga, reclutadas después de las fibras tipo I, en movimientos rápidos, repetitivos y de intensidad media. Mientras que las fibras tipo IIB se reclutan para actividades anaeróbicas, que requieren una respuesta rápida con un nivel alto de fuerza como por ejemplo levantamiento de pesas. A continuación, en la Tabla 1 se muestran las características de cada tipo de fibra.

2.4.2. DESARROLLO GRADUAL DE LA FUERZA DE CONTRACCIÓN

Un músculo cuando se contrae, no lo hace siempre con la misma intensidad, el bíceps no ejerce la misma fuerza cuando levanta un vaso de agua que cuando realiza un levantamiento de pesas, la intensidad de la contracción se adapta a la carga de trabajo. Esta adaptación de la fuerza generada a cada situación se puede conseguir mediante dos mecanismos:

- RECLUTAMIENTO DE FIBRAS O SUMA ESPACIAL

Consiste en estimular un número de unidades motoras creciente, acorde con la carga de trabajo. Al estimular a la vez diferentes unidades, la fuerza individual de cada una se suma a las demás, y el resultado es un aumento gradual de la fuerza generada por el músculo. El reclutamiento no es un proceso aleatorio, sino que siguen el principio del tamaño postulado por Henneman [1957] que dice que a medida que se solicita mayor fuerza, se van uniendo las unidades motoras de menor tamaño y las más grandes se reclutan cuando se requieren los mayores niveles de fuerza. Por lo tanto, se reclutan primero las fibras lentas, capaces de realizar menor fuerza, y luego las fibras rápidas, con axones de mayor tamaño, capaces de realizar mayor fuerza.

- FRECUENCIA DE EXCITACIÓN O SUMACION TEMPORAL

Consiste en la suma temporal de respuestas gracias a la repetición de estímulos. Por lo tanto, la fuerza muscular depende también de la frecuencia con que se repita el estímulo. Un único estímulo tiene una respuesta del músculo llamada sacudida, mientras que estímulos repetidos causan un aumento de la fuerza.

La duración del estímulo está en unidades de milisegundos, mientras la sacudida está en el rango de las decenas de milisegundos. El desfase entre el estímulo y la respuesta muscular es debido al tiempo que tarda en viajar el potencial por los túbulos T y el tiempo necesario para que el Ca^{+} salga del retículo sarcoplasmático y se una con la troponina.

Cuando la célula muscular es estimulada con más de un pulso, de manera repetitiva, responde con contracciones repetitivas. En el caso que no se permita la relajación completa del músculo y se envíe un nuevo estímulo, el músculo responderá sumando la respuesta actual con la anterior, aumentando así la fuerza. Cuando la frecuencia del estímulo es cercana al tiempo de contracción de los pulsos, estos se sumarán. Con el estímulo repetido rápidamente, la activación del mecanismo contráctil ocurre iterativamente antes de que aparezca relajación alguna y ya no se distingue del otro. En este instante, hay un máximo de Ca^{+} en el citosol y un número máximo de puentes cruzados, produciendo fuerza estable máxima, conocida como tétanos o **contracción tetánica**.

2.5. TIPOS DE CONTRACCIÓN

La fuerza física se manifiesta a través de la contracción muscular entendiendo como tal el desarrollo de la fuerza dentro del músculo y no necesariamente el claro acortamiento del mismo. En función de la relación existente entre la fuerza desarrollada y la resistencia a vencer, podemos establecer los siguientes tipos de contracción muscular (ver Imagen 27).

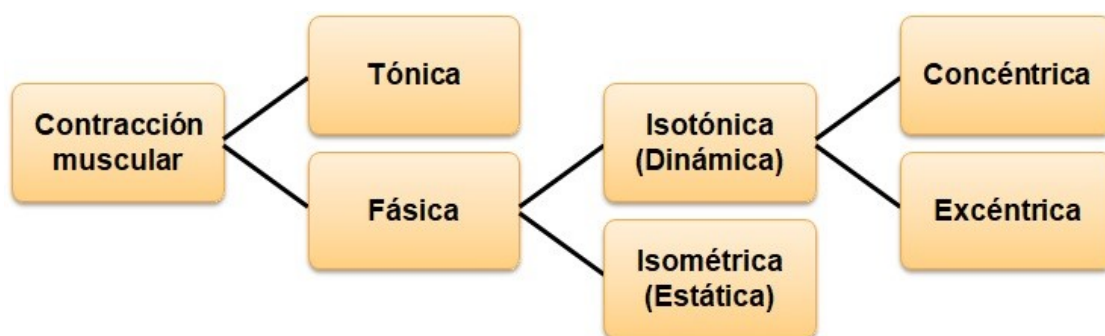


Imagen 27: Tipos de Contracción muscular.

2.5.1. CONTRACCIÓN TÓNICA (TONO MUSCULAR)

Se define como un estado de semicontracción permanente del músculo. Es un fenómeno complejo en el que el sistema nervioso mantiene contracciones intermitentes a distintas unidades motoras del músculo, que permite mantener una fuerza muscular homogénea en el tiempo. El tono muscular permite mantener la actitud, como acción refleja frente a la acción de la fuerza de gravedad (tono de sostén) y se mantiene incluso en periodos de reposo o sueño (tono de reposo).

2.5.2. CONTRACCIÓN FÁSICA

Responsable de todos los movimientos voluntarios o automáticos teniendo siempre de fondo la contracción tónica.

▪ CONTRACCIÓN ISOTÓNICA

Son aquellas en las que el músculo se contrae con una fuerza constante durante toda la acción y se asocian al cambio de longitud del músculo, por lo que podría ser el tipo de contracción más frecuente en los movimientos deportivos y cotidianos. Pueden clasificarse en **concéntrica**, se produce un acortamiento del músculo, una aceleración y se realiza un trabajo positivo y **excéntrica**, durante la contracción aumenta la longitud del músculo, se alarga, produciendo un frenado del movimiento y un trabajo por tanto negativo.

▪ CONTRACCIÓN ISOMÉTRICA (ESTÁTICA)

En este tipo de contracción se modifica la fuerza del músculo, pero la longitud del mismo permanece constante por lo que no existe una manifestación externa del movimiento.

▪ CONTRACCIONES AUXOTÓNICAS

Son contracciones mixtas en las que durante el acortamiento del músculo se producen simultáneamente una contracción isotónica y una contracción isométrica. Un ejemplo de este tipo de contracciones es el trabajo con gomas extensoras.

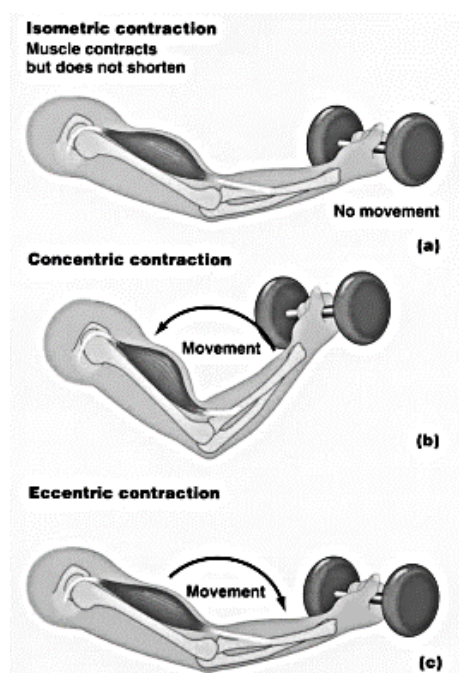


Imagen 28: Tipos de contracciones musculares. a) Contracción Isométrica. b) Contracción Concéntrica. c) Contracción Excéntrica.

3. BIOMECÁNICA DEL MOVIMIENTO

A fin de lograr comprender el movimiento que debe simular un exoesqueleto para miembro superior, e incluso comprender las patologías a las que estos dispositivos intentan rehabilitar, es necesario conocer no solo los tipos de movimientos que la extremidad puede realizar si no también la anatomía y fisiología asociada que permite que estos se ejecuten.

Por esto en la presente sección se estudiarán los movimientos que puede realizar el miembro superior, principalmente durante la flexoextensión del codo. El objetivo de esta introducción es describir las clasificaciones estructurales y funcionales de las articulaciones para así comprender la biomecánica del miembro superior.

Las articulaciones del sistema esquelético contribuyen a la homeostasis a través del mantenimiento de los huesos unidos de un modo tal que permiten el movimiento y la flexibilidad del cuerpo (8).

Una **articulación** es un punto de contacto entre dos huesos, entre un hueso y cartílago o entre huesos y dientes. Las articulaciones se pueden clasificar de acuerdo a su **estructura** (en base a las características anatómicas) o según su **función** (de acuerdo al tipo de movimiento que permiten) (Ver Tabla 2)

Tabla 2: Resumen de las clasificaciones estructural y funcional de las articulaciones.

CLASIFICACION ESTRUCTURAL	DESCRIPCION	CLASIFICACION FUNCIONAL	EJEMPLO
FIBROSA	Sin cavidad sinovial, los huesos de la articulación se mantienen unidos por tejido conectivo fibroso.		
Suturas	Los huesos se mantienen unidos por tejido conectivo.	Sinartrosis (inmóvil) y anfiartrosis (poco móvil).	Se ubicada entre los huesos del cráneo (Sutura coronal).
Sindesmosis	Los huesos están unidos por tejido conectivo y un ligamento.	Anfiartrosis (poco móvil).	Articulación tibioperonea distal.
Membrana Interósea	Los huesos se mantienen unidos por tejido conectivo.	Anfiartrosis (poco móvil)	Entre la tibia y el peroné
CARTILAGINOSAS	Sin cavidad sinovial, los huesos de la articulación están unidos por cartilago hialino o fibrocartilago.		
Sincondrosis	Material de conexión: cartilago hialino.	sinartrosis (inmóvil).	Placa epifisaria entre la diáfisis y la epífisis de un hueso largo.
Sínfisis	Material de conexión: un disco ancho y plano de fibrocartilago.	Anfiartrosis (poco móvil).	Sínfisis del pubis y huesos intervertebrales.
SINOVIALES	Caracterizada por presentar una cavidad sinovial, cartilago articular y capsula articular y puede contener ligamentos accesorios, discos articulares y bolsas sinoviales.		
Artrodia	Las superficies articulares son planas o algo curva.	movimiento de atrás hacia adelante, de un lado a otro y de rotación.	Intercarpianos, intertarsianos, esternocostales y articulaciones vertebrocostales.
Tróclea o Bisagra	Las superficies convexas encajan en superficies cóncavas.	Diartrosis: flexión-extensión.	Rodilla, codo, tobillo y articulación interfalángicas.
Trocoide (pivote)	Tienen una superficie redondeada que encaja en un anillo formado por hueso y ligamento.	Diartrosis: rotación	Articulación atlasoaxoidea y radiocubital.
Condílea	La proyección ovalada encaja en una depresión ovalada.	Diartrosis: flexión-extensión, abducción-aducción	Articulación radiocarpiana y primera articulación metacarpofalángica.
En Silla de Montar	Debe su nombre a su forma.	Diartrosis biaxiales: flexión-extensión, abducción-aducción.	Articulación carpometacarpiana entre el trapecio y el primer metacarpiano.
Enartrosis	Superficies en forma de esfera que encaja en una depresión en forma de copa.	Diartrosis triaxiales: flexión-extensión, abducción-aducción y rotación.	Articulación del hombro y la cadera.

3.1. TIPOS DE MOVIMIENTO

Este apartado se centrará en las articulaciones sinoviales, ya que son las que están presentes en nuestra área de trabajo.

Las **articulaciones sinoviales** son las que poseen una cavidad sinovial entre los huesos, cuya unión está formada por una **cápsula articular** de tejido conectivo de densidad irregular y, a menudo, por **ligamentos accesorios**.

Los anatomistas, los fisioterapeutas y los kinesiólogos utilizan una terminología específica para designar los movimientos que pueden producir las articulaciones sinoviales. Estos términos precisos pueden indicar la forma y la dirección del movimiento. Los movimientos de las articulaciones sinoviales se agrupan en cuatro categorías principales:

- **Desplazamiento**
- **Movimientos angulares.**
- **Rotación.**
- **Movimientos especiales.**

Se ignora el primero ya que en la articulación de nuestro interés no hay ninguna articulación que lo realice.

En los **movimientos angulares**, se produce un incremento o una disminución del ángulo entre los huesos de la articulación. Los más importantes son: flexión, extensión, flexión lateral, hiperextensión, abducción, aducción y circunducción.

Flexión y **extensión** son movimientos opuestos, el primero disminuye el ángulo entre los huesos de la articulación; mientras que el segundo lo aumenta. La **hiperextensión** es la continuación de la extensión más allá de la posición anatómica. Estos movimientos son de los más comunes y, en este caso, tanto hombro como codo son capaces de realizarlos. (ver Imagen 29)

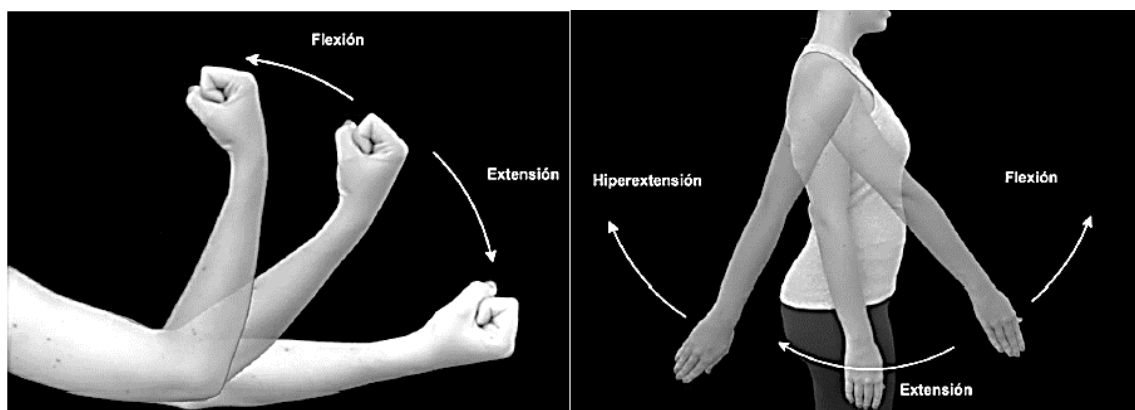


Imagen 29: Izq: flexo extensión del antebrazo. Der: flexión, extensión e hiperextensión del brazo.

Ocurre algo similar en el caso de la **abducción** y la **aducción**. Son movimientos que también son opuestos, pero en vez de modificar el ángulo entre huesos, modifican la posición respecto de la línea media. Ambos movimientos se suelen producir en el plano frontal; en el primer caso el movimiento aleja el hueso de la ya mencionada línea media, mientras que en el segundo lo aproxima. Dichos movimientos se observan cuando se eleva el brazo a partir del hombro en un plano frontal. (ver Imagen 30)

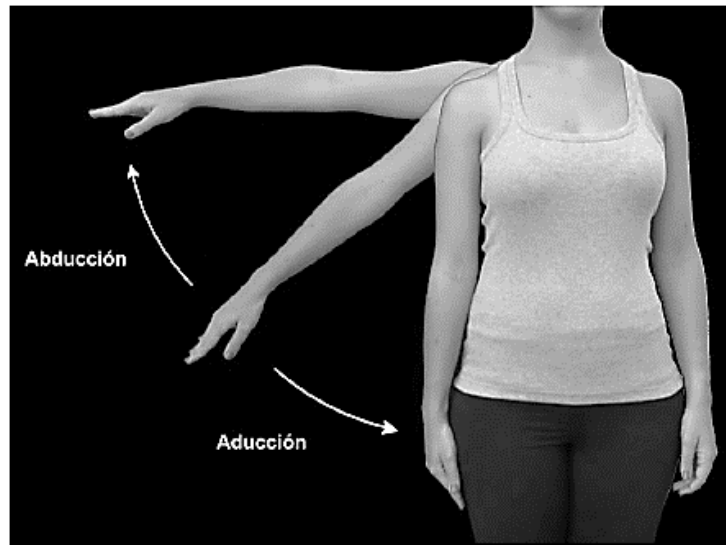


Imagen 30: Abducción/aducción del brazo. Imagen extraída de (8).

La **circunducción** es el movimiento circular de un extremo distal del cuerpo. No es aislado en sí mismo sino una secuencia continua de flexión, abducción, extensión y aducción. Por esto no se produce a lo largo de un único eje o plano de movimiento. El hombro es una de las pocas articulaciones que puede llevar a cabo dicha secuencia. (ver Imagen 31)

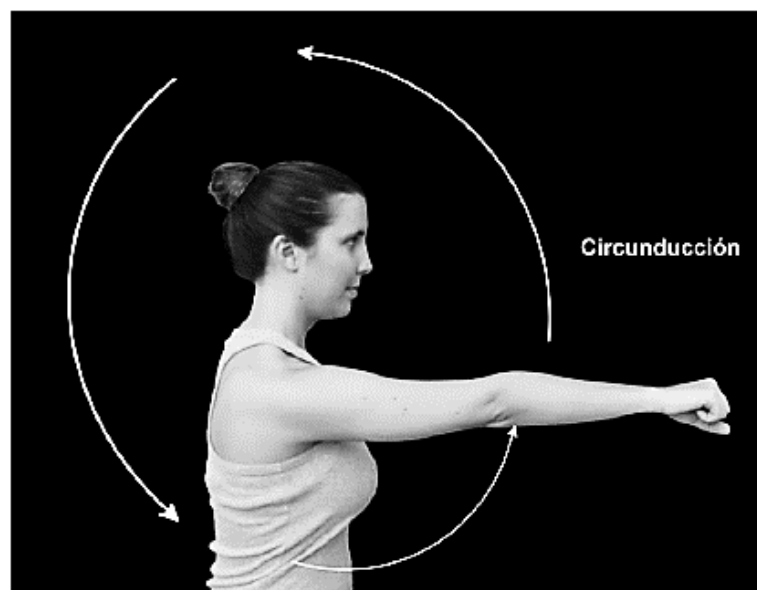


Imagen 31: Circunducción del brazo. Imagen extraída de (8)

En el caso de los movimientos de **rotación**, un hueso gira alrededor de su eje longitudinal. Este movimiento se observa en la rotación del húmero sobre la articulación del hombro (Imagen 32).

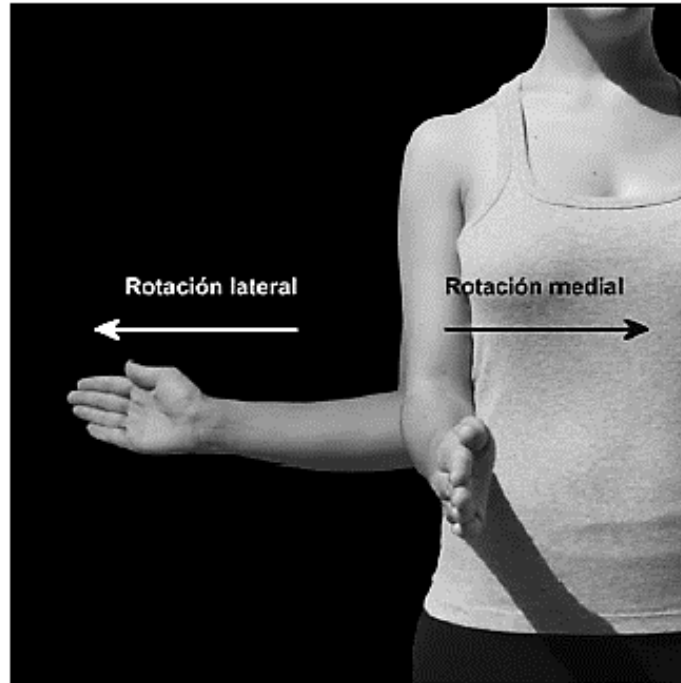


Imagen 32: Rotación del brazo. Imagen extraída de (8).

Los **movimientos especiales** se producen sólo en ciertas articulaciones. Una de ellas es la articulación radiocubital y sus movimientos de **supinación** y **pronación** en los que gira el antebrazo cruzando los dos huesos que la componen. (ver Imagen 33).

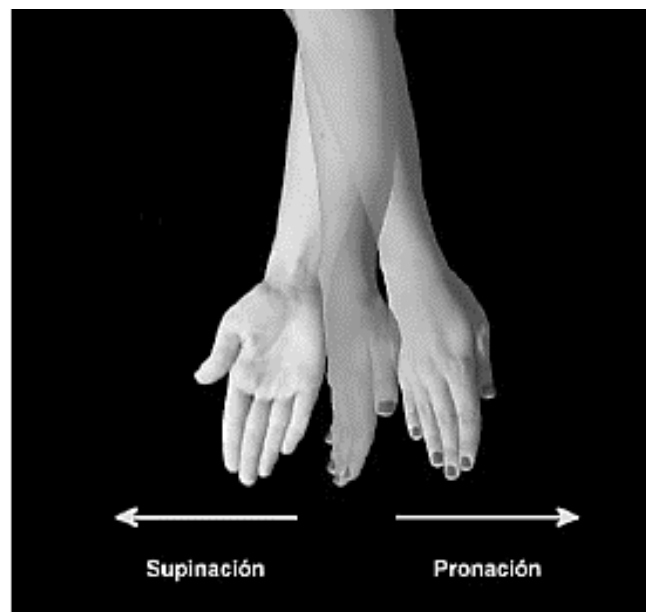


Imagen 33: Supinación / Pronación del brazo. Imagen extraída de (8)

Centrándose en el objeto de estudio, se clasificarán las articulaciones que componen el codo.

Las principales funciones del codo son: (31).

- Permitir desplazar más o menos lejos del cuerpo la extremidad activa: la mano, es decir, posicionar y orientar la mano en el espacio, siendo así, por ejemplo, una articulación fundamental para la alimentación.
- Actuar como pivote de la palanca del antebrazo, permitiendo alargar o acortar la distancia hombro-mano.

El codo está formado por tres articulaciones diferentes (ver Tabla 3):

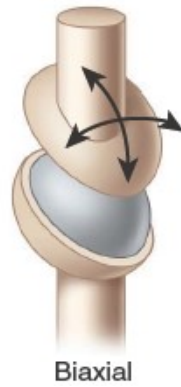
- **Humero-radial:** Une el húmero con la cabeza del radio.
- **Humeral-cubital:** Une el cúbito con el humero.
- **Radio-cubital:** Establece la unión entre radio y cubito.

Las tres están englobadas en la misma **cápsula articular**. Es por esto que se dice que anatómicamente el codo no contiene más que una sola articulación (10), pero que fisiológicamente permite distinguir dos funciones distintas la **flexoextensión** (que precisa de la actuación de dos articulaciones: la articulación humerocubital y la articulación humerorradial) y la **pronosupinación** (que afecta a la articulación radiocubital proximal). Pero solo vamos a analizar la función de la flexoextensión.

Tabla 3: Complejo articular del codo:

ARTICULACIÓN	SUPERFICIE ARTICULAR	TIPO DE ARTICULACIÓN
Articulación Humero-Radial	Húmero: cóndilo del húmero (convexo) Radio: cúpula radial (cóncavo).	Diartrosis Condílea.
Articulación Humero-Cubital	Húmero: Tróclea humeral, fosa coronoidea y fosa olecraniana. Cúbito: Olécranon y apófisis coronoides.	Diartrosis troclear.
Articulación Radio-Cubital proximal	Radio: Cabeza del radio. Ulna: escotadura radial del cúbito.	Diartrosis trocoide (Pivote).

En el codo disponemos de una articulación **tipo bisagra**. Desde el punto de vista funcional, tanto la articulación Humerorradial como la articulación Humerocubital se comportan en conjunto como una articulación troclear. Sin embargo, la articulación Humerorradial es del **tipo Condílea**, donde la cabeza de un hueso se ajusta a la cavidad del otro. (ver Imagen 34)



Biaxial

Imagen 34: Articulación tipo Condilea.

La articulación Humerocubital formada entre la tróclea del húmero y la escotadura troclear del cúbito, es del **tipo monoaxial**, produciendo movimientos angulares en un único eje (Imagen 35).

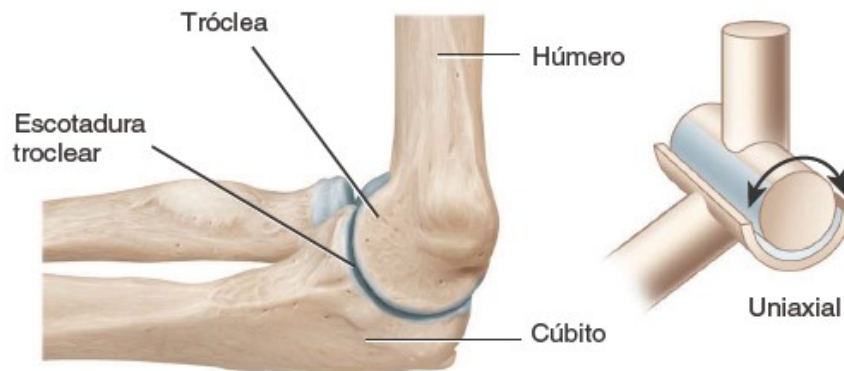


Imagen 35: Articulación Humero-Cubital. Imagen extraída de (11)

La articulación radiocubital es de **tipo trocoide** (pivote). Está conformada por la cabeza del radio y por la cavidad radial del cúbito. Este tipo destaca por tener una parte de uno de los huesos redondeada, la cual articula con un anillo formado por el otro hueso y un ligamento. También son monoaxiales, permitiendo la rotación solo alrededor de su eje longitudinal (Imagen 36).

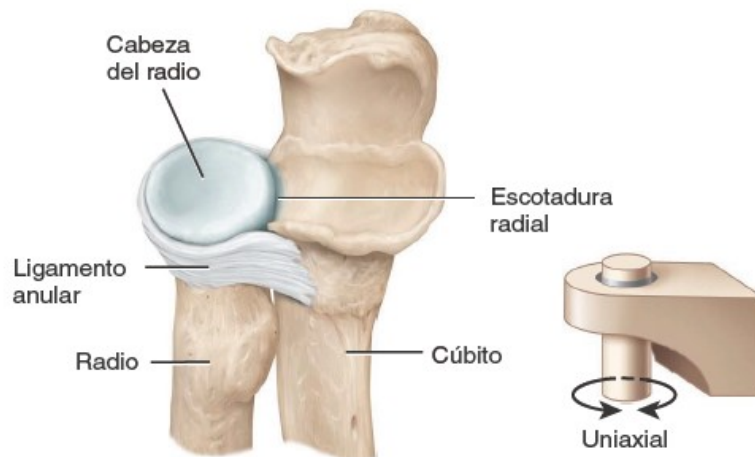


Imagen 36: Articulación Cubito-Radial. Imagen extraída de (11)

3.2. MÚSCULOS INVOLUCRADOS EN EL MOVIMIENTO.

3.2.1. MÚSCULOS MOTORES DE LA FLEXIÓN

Los **músculos motores** de la flexión del codo (10) son esencialmente tres:

- **Músculo braquial:** Se extiende desde el tubérculo de la apófisis coronoides del cúbito hasta la cara anterior del húmero. Es exclusivamente flexor del codo y uno de los pocos músculos del cuerpo que realiza una única función.
- **Músculo braquiorradial:** Se extiende desde la apófisis estiloides del radio hasta el borde externo del húmero. Su función principal es la flexión de codo, actuando solo como un músculo accesorio y sólo en la pronación máxima se convierte en supinador.
- **Músculo bíceps braquial:** Es el flexor principal. Su inserción inferior se localiza en la tuberosidad bicipital del radio. Sus inserciones superiores no se sitúan en el húmero (se trata entonces de un músculo biarticular), sino en el omóplato mediante dos porciones:
 - La *porción larga* en el tubérculo supraglenoideo.
 - La *porción corta* en el pico de la apófisis coracoides.

Existen músculos flexores muy accesorios:

- músculo extensor radial largo del carpo.
- músculo ancóneo.
- músculo pronador redondo.

La limitación de la flexión es distinta según sea una flexión activa o pasiva.

- Si la flexión es activa:
 - El principal factor limitante es el contacto de las masas musculares del compartimento anterior del brazo y del antebrazo, endurecidas por la contracción. Este mecanismo explica que la flexión activa no pueda sobrepasar los 145°, este hecho se ve acentuado cuanto más musculoso sea el individuo. Factores restantes, como podrían serlo el impacto óseo y la tensión capsular, apenas intervienen.
- Si la flexión es pasiva por la acción de una fuerza que "cierra" a la articulación:
 - Las masas musculares sin contraerse pueden aplastarse unas contra otras de modo que la flexión sobrepasa los 145°, y es entonces cuando aparecen los otros factores limitantes: el impacto de la cabeza radial contra la fosita supracondílea y de la coronoidea contra la fosita supratroclear; la tensión de la parte posterior de la cápsula; y la tensión pasiva del músculo tríceps braquial.

3.2.2. MÚSCULOS MOTORES DE LA EXTENSIÓN

La extensión del codo se debe a la acción de un solo músculo, el **músculo tríceps braquial**. Está constituido por tres cuerpos carnosos que finalizan en un tendón común que se inserta en el olécranon.

Los tres cuerpos musculares del músculo tríceps braquial tienen una inserción superior distinta:

- **Cabeza medial:** Se fija en la cara posterior del húmero.
- **Cabeza lateral:** Se fija sobre el borde externo de la diáfisis humeral.
- **Cabeza larga:** Se inserta sobre el omóplato, en el tubérculo subglenoideo.

La limitación de la extensión se debe a tres factores:

- ***El impacto del pico olecraniano*** en el fondo de la fosita olecraniana.
- ***La puesta en tensión*** de la parte anterior de la cápsula articular.
- ***La resistencia*** que oponen los músculos flexores.

La amplitud de la flexión es de 145°, en un único tiempo, y partiendo de la posición anatómica. El ángulo que se forma entre el brazo y el antebrazo al realizar la flexión es la diferencia entre la horizontal y ángulo que se forma en la flexión, es decir de 35°. La *extensión* recorre nuevamente 145° para llegar a la extensión completa. El ángulo formado entre el brazo y el antebrazo en este caso es de 180°. (ver Imagen 37)

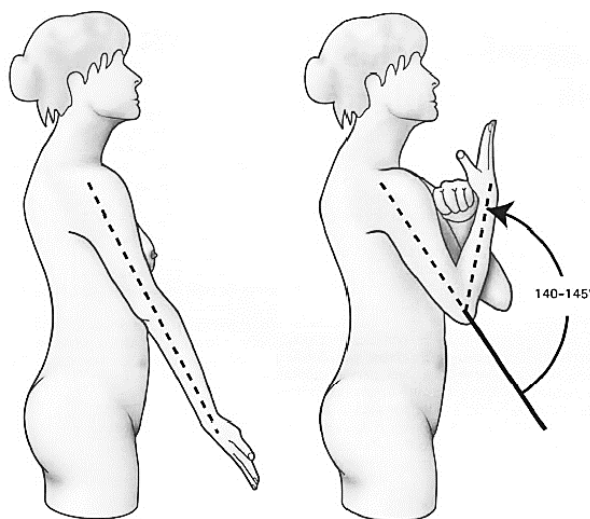


Imagen 37: Amplitud de la flexo-extensión del codo. Imagen extraída de (10)

4. SEÑALES DE ELECTROMIOGRAFÍA (EMG)

La electricidad se encuentra presente de muchas formas en la naturaleza, de tal forma que el cuerpo humano no es la excepción, en él podemos encontrar pequeños impulsos eléctricos mediante los cuales se llevan a cabo funciones importantes del organismo: latir del corazón, respirar, pensar, el fenómeno de la vista, etc. A estas señales provenientes del cuerpo se las llaman **señales bioeléctricas** o bioseñales. (32). En la siguiente sección se explicará en qué consisten dichas señales y el proceso de captación de las señales provenientes de los músculos esqueléticos del cuerpo humano denominadas **señales de Electromiografía (EMG)**.

Una señal es un medio de transmisión de información, cuya adquisición permite obtener información sobre la fuente que la genera. El cuerpo humano constantemente produce bioseñales que se encargan de la activación de los diferentes órganos. Estas señales reciben su nombre respecto al órgano específico donde se originan, y son generadas por las diferentes estructuras nerviosas periféricas y transmitidas por los músculos. Desde el punto de vista de la instrumentación, los factores más importantes que caracterizan a las bioseñales son los rangos de amplitud y frecuencia. Dichos rangos pueden variar en función del método de adquisición utilizado (33). La Tabla 4 muestra algunas de las bioseñales más usuales y sus rangos correspondientes.

Tabla 4: Rango de las bioseñales más usuales. Tabla modificada extraída de J. F. G Martínez, Bioseñales, Universidad de Valencia, España, 2010-2011

BIOSEÑAL	DEFINICIÓN	RANGO DE AMPLITUD	RANGO DE FRECUENCIA
Electrocardiograma (ECG)	Actividad eléctrica cardíaca	0.5 – 4 mV	0.01 – 250 Hz
Electroencefalograma (EEG)	Actividad eléctrica cerebral	5 – 300 μ V	DC – 150 Hz
Electrogastrograma (EGG)	Actividad eléctrica gástrica	10 μ V – 1 mV	DC – 1 Hz
Electromiograma (EMG)	Actividad eléctrica muscular	0.1 – 5 mV	DC – 10 kHz
Electrooculograma (EOG)	Potencial retina - cornea	50 – 3500 μ V	DC – 50 Hz
Electrorretinograma (ERG)	Actividad eléctrica de la retina	0 – 900 μ V	DC – 50 Hz

Este trabajo se basó en el uso de electromiografía por lo que en este capítulo se describen las características de las señales mioeléctricas provenientes de los grupos musculares y las medidas biomédicas utilizadas para su obtención. Se analizan las características y requerimientos del

equipamiento que se utiliza con base a las recomendaciones propuestas por el SENIAM (7). Finalmente se presenta el procedimiento utilizado para la correcta adquisición de las señales.

La EMG de la señal del músculo activo es una de las señales más eficaces para el control de las prótesis de las extremidades superiores con alimentación externa. Sin embargo, la señal EMG depende de la condición física, el estado de ánimo, y así sucesivamente, por lo que es difícil de usar la señal original de EMG como señal de control de forma directa (34). Es por esto que a la señal “cruda” de EMG, más conocida por su expresión en inglés, **EMG RAW**, hay que realizarle un tratamiento con el fin de que pueda ser utilizada.

4.1. FUNDAMENTOS

La EMG es una técnica experimental relacionada con el desarrollo, registro y análisis de señales mioeléctricas, las cuales se forman por variaciones fisiológicas en el estado de las membranas de las fibras musculares (25).

El registro de EMG, se lleva a cabo mediante un electromiógrafo que consta de tres componentes fundamentales: un **transductor**, es decir el electrodo, encargado de convertir la despolarización de membrana en voltaje eléctrico; una **unidad de procesamiento**, encargada de acondicionar la señal; y un **dispositivo de salida**, el cual puede ser una memoria o pantalla (35).

La actividad eléctrica detectada en el transductor es originada en la placa motora terminal, por el arribo de un impulso nervioso a la unión neuromuscular, excitando el mecanismo contráctil de la fibra, a una velocidad aproximada de 4 m/s. (36).

La señal de EMG se basa, entonces, en los potenciales de acción en la membrana de la fibra muscular, los cuales son el resultado de los procesos de despolarización y repolarización como se ha descrito en secciones anteriores. En una pequeña porción de la membrana se produce la despolarización (Imagen 38), la cual comienza a despolarizar zonas circundantes, viajando a lo largo de la fibra muscular a una velocidad de 2 a 6 m/s, hasta el sitio donde se ubica el electrodo utilizado para registrar dicha señal (25).

El ciclo de despolarización-repolarización forma una **onda de despolarización** o dipolo eléctrico que se desplaza a lo largo de la superficie de una fibra muscular. Típicamente, se utilizan configuraciones de electrodos bipolares y una amplificación diferencial. Por simplicidad, en una primera etapa, sólo se ilustra la detección de una única fibra muscular. Dependiendo de la distancia espacial entre el electrodo 1 y 2, el dipolo forma una diferencia de potencial entre los electrodos (25).

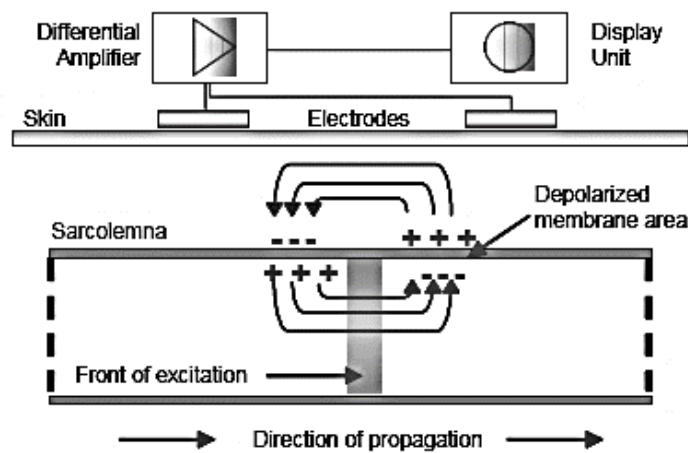


Imagen 38: Zona de despolarización de la membrana de una fibra muscular. Imagen extraída de (25).

En la Imagen 39 se muestra un ejemplo en donde en el punto de tiempo t_1 , se genera el potencial de acción y se desplaza hacia el par de electrodos. Se mide una diferencia de potencial creciente entre los electrodos que es más alta en la posición t_2 . Si el dipolo alcanza una distancia igual entre los electrodos, la diferencia de potencial pasa por la línea cero (t_3) y se hace más alta en la posición t_4 , lo que significa que la distancia al electrodo 2 es más corta.

Cuando el potencial de acción alcanza el electrodo negativo, un voltímetro detectaría una diferencia de potencial que se manifiesta en el registro como una onda positiva. Cuando el impulso llega al electrodo positivo, la diferencia de potencial se registraría como una onda negativa.

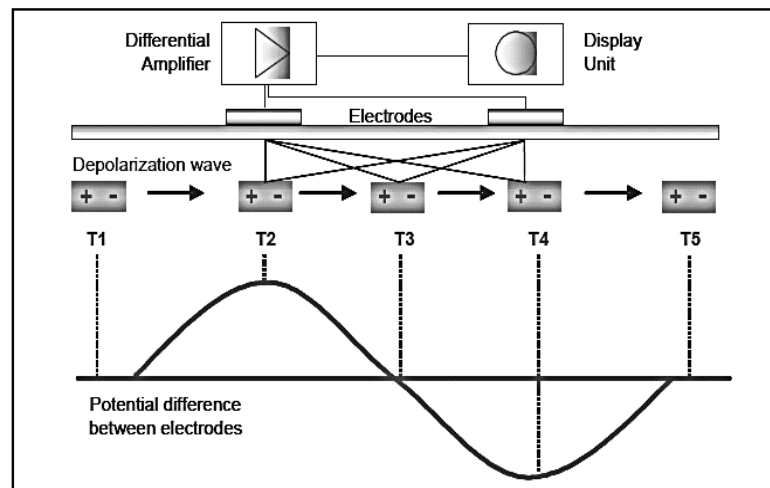


Imagen 39: Dipolo eléctrico de la membrana de la fibra muscular. Imagen extraída de (25).

La contracción de cada fibra muscular individual genera un potencial de acción. La suma de los potenciales de todas las fibras que componen una **unidad motora (UM)** constituye el **potencial de unidad motora (PAUM)** (37). Los PAUM cambian de forma y tamaño dependiendo de la orientación geométrica de la fibra en relación al sitio del electrodo. (Imagen 40)

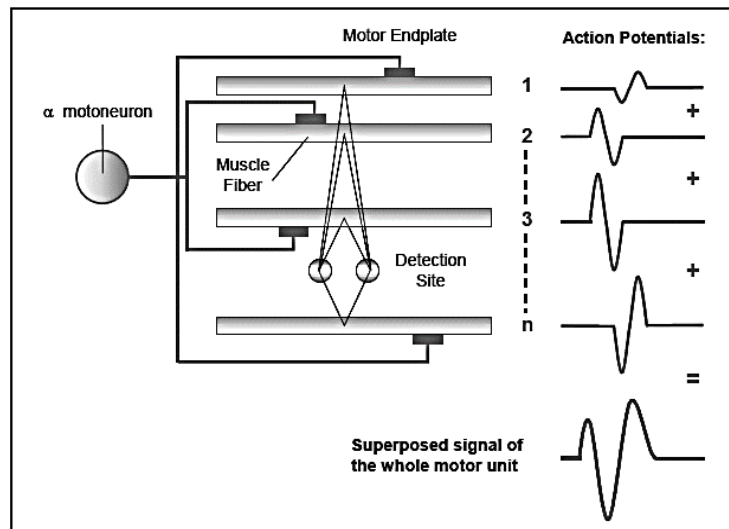


Imagen 40: Se ilustra como las distintas fibras musculares aportan a la constitución del PAUM.

Cuando un músculo se contrae se activan en simultáneo varias unidades motoras (UM), por lo que las señales de la EMG se componen principalmente de los potenciales de acción de las unidades motoras superpuestas, que se activaron en el proceso (37).

Así, la señal de EMG es la suma algebraica de la acción potencial individual de todas las fibras musculares dentro del área de lectura del electrodo. Esta área de lectura casi siempre abarca más de una unidad motora (motoneurona y todas las fibras que hay en ella), ya que las fibras musculares de diferentes unidades motoras están entremezcladas a lo largo de todo el músculo. Cualquier porción del músculo puede contener fibras que pertenecen de 20 a 50 unidades motoras. (Imagen 41) (5).

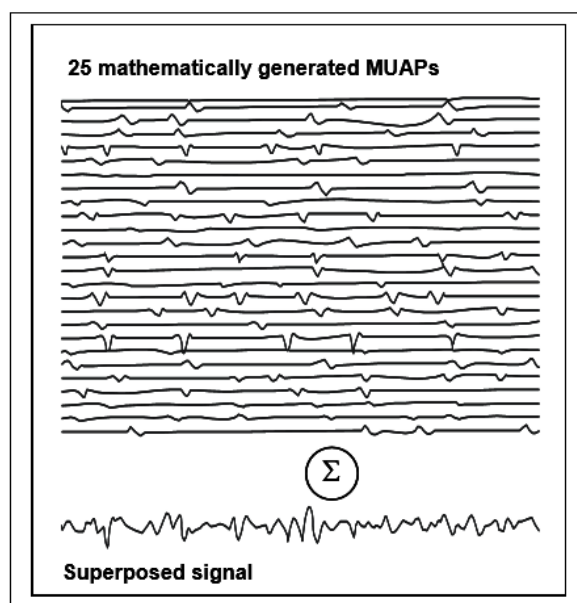


Imagen 41: EMG resultante de la superposición de varios PUAMs. Imagen extraída de (25).

4.2. CARACTERÍSTICAS DE LA SEÑAL DE EMG

Una señal de electromiografía sin procesar que detecta los PAUMs superpuestos se denomina señal de EMG RAW. En el siguiente ejemplo (Imagen 42), se muestra un registro de electromiografía de superficie cruda para tres contracciones del músculo bíceps.

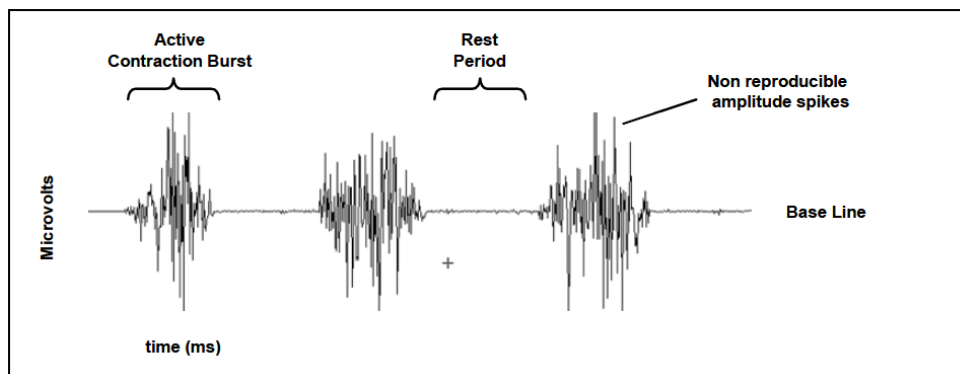


Imagen 42: Electromiografía de superficie cruda de tres contracciones del bíceps.

Cuando el músculo está relajado, se puede ver una línea base EMG más o menos libre de ruido. El ruido básico de EMG depende de muchos factores, especialmente de la calidad del amplificador EMG, el ruido ambiental y la calidad de detección dada. Suponiendo un rendimiento de amplificador de última generación y una preparación adecuada de la piel (desarrollado en los apartados siguientes), el ruido de referencia promedio no debe ser superior a 3-5 mV, aunque el objetivo debe ser de 1 a 2 mV. Adicionalmente, es importante controlar la calidad del electrodo de referencia de EMG, siendo un punto de control muy importante de cada medición de EMG. Por otra parte, hay que tener cuidado de no interpretar al ruido de interferencia o a los problemas dentro del aparato de detección como actividad de base "aumentada" o hipertono muscular.

Una electromiografía de superficie sin procesar puede oscilar entre +/- 5000 mV, para atletas, siendo un tanto menor en personas no entrenadas. Típicamente el ancho de frecuencia oscila entre 6 y 500 Hz, mostrando la mayor potencia de frecuencia entre 20 y 150 Hz.

4.3. CAPTACIÓN DE SEÑALES DE EMG

Debido a la naturaleza sensible de la señal de electromiografía las características de la señal vistas en el apartado anterior pueden verse influenciadas en su camino desde la membrana muscular hasta los electrodos por factores externos que la modifican. Durante este apartado se van a desarrollar cuales son los principales factores que modifican la señal y qué hay que hacer para poder obtener una señal apta para poder trabajar.

4.3.1. FACTORES QUE INFLUYEN EN LA SEÑAL DE EMG

La lectura de señales electromiográficas puede verse afectada por una serie de factores que se enumeran a continuación:

- Características del tejido

El cuerpo humano es un buen conductor eléctrico, pero desafortunadamente la conductividad eléctrica varía con el tipo de tejido, el grosor (Imagen 43), los cambios fisiológicos y la temperatura, las características de la piel. Estas condiciones pueden variar mucho de un sujeto a otro (e incluso dentro de un sujeto) y no permiten una comparación cuantitativa directa de los parámetros de amplitud EMG calculados en la señal EMG sin procesar.

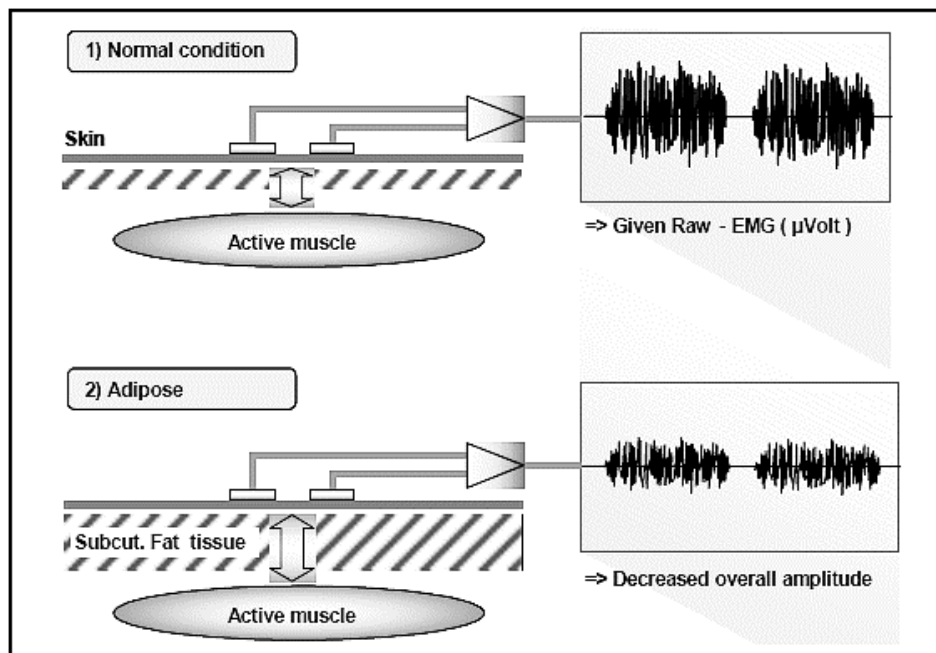


Imagen 43: La influencia del grosor variable de las capas de tejido debajo de los electrodos: Dada la misma cantidad de electricidad muscular, la condición 1 produce más EMG debido a la menor distancia entre el músculo y los electrodos.

- Cross talk

Los músculos vecinos pueden producir una cantidad significativa de EMG que pueden ser detectados por el electrodo de otro músculo. Normalmente, este "Cross Talk" no excede el 10% de los contenidos generales de la señal o puede que no ocurra en absoluto. Sin embargo, se debe tener cuidado al momento de medir dos músculos que se encuentren muy próximos.

- Cambios en la geometría entre el músculo y la ubicación de los electrodos

Cualquier cambio de distancia entre el origen de la señal y el sitio de detección alterará la lectura de EMG. Es un problema inherente a todos los estudios de movimiento dinámico y también puede ser causado por causa externa.

- Ruido externo

Se debe tener especial cuidado en entornos eléctricos muy ruidosos. La más exigente es la interferencia directa proveniente de la energía eléctrica, típicamente producida por una conexión a tierra incorrecta de otros dispositivos externos, la cual ocurre a la frecuencia de línea (50-60 Hz).

- Electrodos y amplificadores

Tanto la selección del tipo y la calidad de los electrodos como el ruido propio del amplificador interno pueden agregar contenidos de señal a la línea base de EMG.

4.3.2.ELECTRODOS

La manera de obtener información acerca de nuestro entorno y transferirla a algún aparato electrónico se lleva a cabo mediante un transductor, es decir un dispositivo capaz de transformar un tipo de energía de entrada a otro tipo de energía de salida. En el campo de la bioelectricidad los transductores utilizados son llamados **electrodos**.

Los electrodos hacen una transferencia iónica del tejido vivo del cuerpo hacia un dispositivo electrónico, el cual se encarga de procesarla para posteriormente obtener información útil de la medición (38).

Para el registro de estas señales se suelen utilizar principalmente dos tipos de electrodos, los **electrodos de superficie** (Imagen 45) y los electrodos invasivos, como son los **electrodos de aguja** (Imagen 44) caracterizando así a dos tipos de EMG, la de superficie y la invasiva.

La **electromiografía invasiva** se encarga de obtener el registro del potencial generado por una unidad motora en particular, mediante la utilización de electrodos de agujas que consiste en una delgada aguja de metal la cual es insertada en el músculo de manera directa (39).

Debido a que la inserción de los electrodos de aguja es bastante dolorosa y además requiere la supervisión médica, la electromiografía invasiva se limita a usos clínicos y de carácter médico. Principalmente es usada para diagnosticar enfermedades motoras, pero su uso en investigaciones para el desarrollo de prótesis se ve limitado ya que muchas personas consideran muy molesto el proceso de inserción de la aguja.



Imagen 44: Electrodo de aguja.

La **electromiografía de superficie (sEMG)** es una técnica que se basa en el uso de electrodos superficiales. Estos electrodos son colocados directamente sobre la superficie de la piel del músculo del cual se quiere obtener información. La sEMG tiene la peculiaridad de que los registros obtenidos mediante ella muestran actividad poblacional de las unidades motoras, esto es debido a que los electrodos, al estar en la superficie del músculo, no son capaces de captar la señal de una sola unidad motora, sino que, por el contrario, captan la información de varias UM (40).

El uso de estos electrodos es mucho más adecuado para el estudio del comportamiento promedio de la actividad eléctrica de un músculo o grupo de músculos, lo cual es muy utilizado para detectar fatiga muscular y para el monitoreo del rendimiento de deportistas. La sEMG es la técnica que se utiliza principalmente para el desarrollo de prótesis mioeléctricas, y en donde se descarta el uso de los electrodos de aguja al no ser cómodo para el paciente.



Imagen 45: Electrodo de superficie.

Existen varios tipos de electrodos de superficie, estos se dividen principalmente en dos grandes grupos: los **electrodos secos** y los **electrodos húmedos**. Los electrodos húmedos son aquellos en los que entre la placa de metal y la piel se encuentra una sustancia electrolítica o **gel conductor**, esto se hace con el fin de minimizar el ruido intrínseco que se genera entre el contacto de la piel y el metal, al mejorar la conductividad y el flujo de la corriente (40).

Una de las condiciones deseables en un electrodo, es que no sea polarizado, esto significa que el potencial en el electrodo no varíe considerablemente cada vez que la corriente pase a través de él. El **electrodo de plata-cloruro de plata (Ag/AgCl)** ha demostrado tener los estándares adecuados para lograr esta característica, además la interfaz piel-plata o piel-Ag/AgCl tiene la mayor impedancia resistiva en el dominio de la frecuencia en EMG (41).

4.4. PROCESAMIENTO DE SEÑAL

Para permitir la comparación de la actividad entre diferentes músculos, a lo largo del tiempo y entre individuos, la señal de EMG debe normalizarse, es decir, expresarse en relación con un valor de referencia obtenido durante condiciones estandarizadas y reproducibles. Este proceso se puede dividir en dos etapas diferenciadas, la que corresponde al **procesamiento analógico** realizado por el equipo de adquisición, y una segunda etapa de **procesamiento digital** de los datos a través de software.

4.4.1. PROCESAMIENTO ANALÓGICO

El procesamiento analógico de la señal de electromiografía es llevado a cabo siguiendo tres pasos de procesamiento: la amplificación de la señal RAW; un filtrado analógico pasabanda; y la conversión analógica digital que permite procesar la señal de forma digital.

- Amplificación de señales RAW

Los amplificadores de EMG actúan como amplificadores de instrumentación (diferenciales) y su objetivo principal es rechazar o eliminar artefactos. La amplificación diferencial detecta las diferencias de potencial entre los electrodos y cancela las interferencias externas. Normalmente, las señales de ruido externo llegan a ambos electrodos sin cambio de fase. Estas señales de "modo común" son señales iguales en fase y amplitud. El término "ganancia de modo común" se refiere a la relación entrada-salida de las señales de modo común. La **Relación de rechazo de modo común (CMRR)** representa la relación entre la ganancia de modo diferencial y común y, por lo tanto, es un criterio para la calidad de la técnica de amplificación elegida. El CMRR debe ser lo más alto posible porque la eliminación de señales interferentes juega un papel importante en la calidad. Un valor mayor a 95dB se considera aceptable (7) (42).

Una señal de EMG que no ha sido amplificada tiene cargas típicas de entre algunos μV y 2 o 3 mV cuando se lee sobre la piel. La señal se amplifica generalmente por un factor de entre 500 (por ejemplo, cuando se utilizan preamplificadores) a 1000. La impedancia de entrada del amplificador debe tener un valor de al menos 10 veces la impedancia dada del electrodo. SENIAM sugiere una impedancia de entrada de 1-10 $\text{M}\Omega$ (7).

▪ Filtrado analógico

En la etapa de filtrado se busca aplicar un filtro de paso banda para eliminar las frecuencias bajas y altas de la señal. El rango de frecuencias de un amplificador de EMG debe comenzar desde 10 Hz de paso alto y subir hasta 500 Hz de paso bajo. Se debe evitar cualquier filtro de Notch (para cancelar, por ejemplo, interferencias de línea) porque destruye demasiada información de señal (7) (42).

▪ Conversión Analógico/Digital

Antes de que una señal pueda mostrarse y analizarse en la computadora, debe convertirse de una tensión analógica a digital (conversión A/D). La resolución de las placas de medición A/D necesita convertir adecuadamente el rango de amplitud esperado (por ejemplo, $-/+ 5$ mV). Una placa A/D de 12 bits puede separar el rango de tensión de la señal de entrada en 4095 intervalos ($2^{12} = 4096$ niveles = 4095 intervalos). Esto es suficiente para la mayoría de las aplicaciones en kinesiología. Las señales muy pequeñas pueden necesitar una amplificación mayor para lograr una mejor resolución de amplitud.

El otro ítem técnico importante es la selección de una frecuencia de muestreo adecuada. Para traducir con precisión el espectro de frecuencia completo de una señal, la velocidad de muestreo a la cual la placa A/D determina el voltaje de la señal de entrada debe ser al menos dos veces más alta que la frecuencia máxima esperada de la señal. Esta relación se describe mediante el **Teorema de muestreo de Nyquist**: el muestreo de una señal a una frecuencia que es demasiado baja da como resultado efectos de aliasing (Imagen 46). Para EMG, casi toda la potencia de señal se encuentra entre 10 y 250 Hz y las recomendaciones científicas (7) (42) requieren un ajuste de banda de amplificador de 10 a 500 Hz. Esto daría como resultado una frecuencia de muestreo de al menos 1000 Hz (banda doble de EMG).

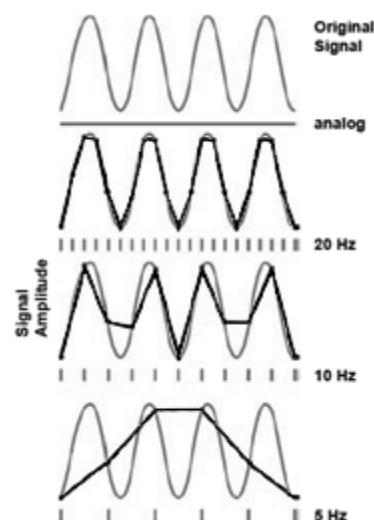


Imagen 46: El efecto de la frecuencia de muestreo A/D en una señal digitalizada. Las frecuencias demasiado bajas resultan en una pérdida significativa de información de señal. Imagen extraída de (25).

4.4.2. PROCESAMIENTO DIGITAL

Veremos una breve introducción al filtrado y a los filtros digitales a fin de poder comprender mejor las diferencias entre los distintos métodos de filtrado que serán comparados en el siguiente capítulo.

En su definición más general, un filtro se puede definir como todo procesado que altera la naturaleza de una señal de una forma o de otra. El término filtro digital lo entenderemos como cualquier procesamiento realizado en una señal de entrada digital. El funcionamiento de base de un filtro digital es relativamente simple. Distinguimos de hecho dos tipos de funcionamiento, que se ilustran en la Imagen 47.

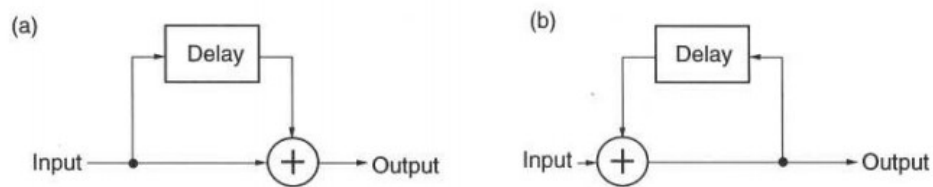


Imagen 47: Diagrama de bloques de los dos tipos de filtros digitales: (a) FIR y (b) IIR.

En el primer tipo de filtro [a] se retarda ligeramente una copia de la señal de entrada (de uno o varios períodos de muestreo) y se combina la señal de entrada retrasada con la nueva señal de entrada. Los filtros digitales basados en este funcionamiento se dice que son filtros de Respuesta al Impulso Finita o **filtros FIR** (Finite Impulse Response). Dentro de esta categoría se encuentran los filtros de Media Móvil, o **filtros Moving Average**, por su nombre en inglés.

En el segundo tipo [b] se retarda una copia de la señal de salida, la cual se la combina con la nueva señal de entrada. Los filtros digitales basados en este funcionamiento se dice que son filtros de Respuesta al Impulso Infinita o **filtros IIR** (Infinite Impulse Response), también se les denomina filtros recursivos o con feedback. Un ejemplo de este tipo de filtros son los **filtros Butterworth**.

Los filtros FIR ofrecen en general una respuesta de fase más lineal y no entran jamás en oscilación (es decir, no se vuelven inestables), ya que no poseen realimentación. Por otro lado, requieren un gran número de términos en sus ecuaciones y eso les hace más costosos en cuanto a cálculo o carga computacional. En cuanto a los filtros IIR, son muy eficaces y pueden proporcionar pendientes de corte muy pronunciadas. Por otro lado, al poseer características de realimentación (o feedback), tienen tendencia a entrar en oscilación y en resonancia.

El procesamiento digital de señales se refiere a la obtención de información a partir de valores muestreados de las señales analógicas. Dicho procesamiento también tiene la función de eliminar el

ruido y clarificar la señal en el proceso. Para esto a la señal digital recién obtenida se la procede a pasar por una serie de etapas:

- Eliminación de Offset

Este término anglosajón no presenta una traducción literal. Es una etapa donde se busca eliminar alguna componente continua sobre la que se encuentre montada la señal. Este paso se obtiene al calcular la media de la señal y sustraerla de la señal RAW. En caso de que no posea una componente continua, al ser una señal con valores positivos y negativo la media de la señal daría como resultado cero.

- Filtro paso alto digital

Ciertos autores (43) recomiendan que a la señal se le aplique un filtro pasa alto Butterworth de 4º orden con una frecuencia de corte de 20 Hz, ya que debido a la calidad del sistema de captura o al movimiento de los electrodos durante los experimentos existe en la señal registrada ruido de baja frecuencia, por lo que se hace necesario la implementación de un filtro paso alto permitiendo pasar las componentes de alta frecuencia.

- Rectificación de onda completa

Se obtiene tomando los valores absolutos de cada instante. Esta etapa es necesaria aplicar ya que la señal de EMG normalmente presenta oscilaciones rápidas que varían en períodos cortos, de forma más o menos por igual a ambos lados del cero, por lo tanto la aplicación de alguna técnica de suavizado a una señal de este tipo dará cero. Si uno rectifica primero, las oscilaciones negativas se convierten en oscilaciones positivas, y no se presenta este inconveniente.

- Suavizado

El resultado de esta etapa es encontrar la "envolvente" de la señal original. Existen distintas alternativas para llevar esto a cabo. Entre las diferentes formas, una consiste en aplicar un filtro paso bajo a la señal rectificada, con una frecuencia de corte entre 5 y 100 Hz dependiendo del músculo que se sense. Otra manera de aplicarle a una señal un filtro pasa bajo, consiste en simplemente tomar el valor medio de una ventana de tiempo T, e ir "deslizándola" a lo largo de la señal. Otra alternativa para suavizar consiste en realizar un procedimiento similar al anterior, pero en este caso calcular el valor cuadrático medio (RMS).

4.5. NORMALIZACIÓN

Como se apreció a lo largo de todo esta sección, la señal de EMG es altamente variable debido a que el electromiograma es la suma de los potenciales de acción de todas las unidades motoras que se encuentran debajo de la superficie de los electrodos, y a su vez depende de varios factores, que serían imposibles de controlar en un entorno clínico ya que varían entre individuos e incluso en un mismo sujeto a lo largo del tiempo, como por ejemplo el grosor de la grasa subcutánea, la transpiración, la temperatura, la velocidad de contracción, entre otras. Por lo tanto, la amplitud de la electromiografía procesada temporalmente solo puede usarse para evaluar los cambios a corto plazo en la actividad de un solo músculo del mismo individuo cuando la configuración del electrodo no ha sido alterada.

Para permitir la comparación de la actividad entre diferentes músculos, a lo largo del tiempo y entre individuos, la señal de EMG debe normalizarse, es decir, expresarse en relación con un valor de referencia obtenido durante condiciones estandarizadas y reproducibles. La **normalización de EMG** es el proceso mediante el cual los valores de la actividad de la señal eléctrica se expresan como un porcentaje de la actividad de ese músculo durante una contracción calibrada de prueba, denominada **Máxima Contracción Voluntaria (MCV)** (44) (45) (46) (47) (48) (49) (50) (51). El efecto principal de todos los métodos de normalización es que se elimina la influencia de la condición de detección dada y los datos se cambian de escala de mV a porcentaje del valor de referencia seleccionado (25).

Con el objetivo de revisar y analizar diferentes procedimientos de normalización, la Imagen 48 muestra los diferentes tipos de métodos de normalización (52).

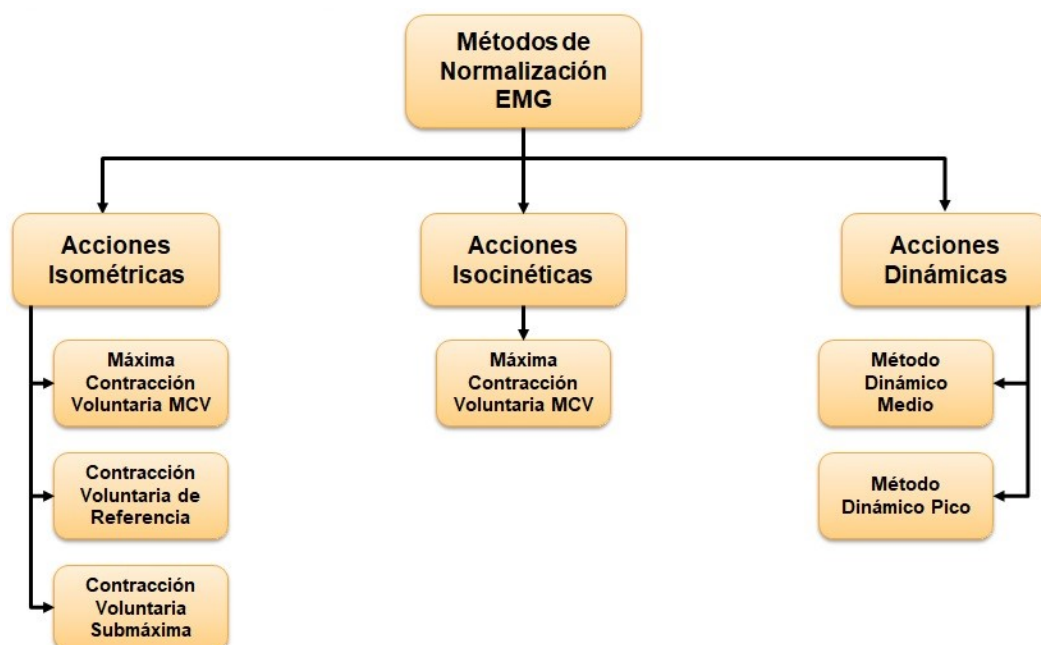


Imagen 48: Diferentes tipos de métodos de normalización. Extraído de (52).

Según (53) (54) (55), los métodos de MCV isométricos reflejan el aumento en EMG que ocurre en respuesta a incrementos en la fuerza externa. A diferencia de los métodos de MCV, los métodos de normalización de picos dinámicos medios y dinámicos no están diseñados para proporcionar el porcentaje de la capacidad de activación máxima del músculo (54).

A pesar de que las contracciones de esfuerzo máximo generalmente no son posibles para personas mayores o pacientes con alguna patología; de que la adquisición de la actividad eléctrica máxima no siempre se logra durante un esfuerzo que involucra la generación de fuerza máxima (51); y que además tiene varias cuestiones técnicas relacionadas con los efectos inerciales al inicio de la prueba, la postura y la motivación del paciente, las **acciones musculares isométricas máximas** son el método sugerido para normalizar según las pautas de SENIAM y son el método de normalización más ampliamente empleado (55) (56) ya que es la estrategia más poderosa para la interpretación fisiológica en personas sanas que representa una medida de la activación muscular (57).

Un beneficio importante que proporcionan los datos normalizados de MCV es la estimación del esfuerzo neuromuscular necesario para una determinada tarea o ejercicio y así proporcionan una comprensión de a qué nivel de capacidad trabajaron los músculos, qué tan efectivo llegó un ejercicio de entrenamiento a los músculos o cuánto exige ergonómicamente una tarea de trabajo a un trabajador (25).

4.6. PROTOCOLO DE PREPARACIÓN DEL INDIVIDUO

Para aplicar correctamente el electromiógrafo y obtener una señal con la que se pueda trabajar es importante una buena preparación del paciente y la aplicación de una adecuada técnica. La calidad de una medición de EMG depende fundamentalmente de una preparación adecuada de la piel y el posicionamiento de los electrodos (25).

La preparación del paciente consta de una serie de pasos, detallados a continuación:

- Preparación del individuo e información previa

Es preciso informar adecuadamente al individuo sobre el procedimiento que seguiremos durante la sesión de registro y de algunos aspectos del estudio, como los objetivos, la utilidad y posibles aplicaciones del mismo. Es necesario obtener su consentimiento, conforme al cual el individuo manifiesta haber sido informado, así como su aprobación e interés en la obtención del registro.

▪ Preparación de la piel

El objetivo de esto es el contacto estable del electrodo y la baja impedancia de la piel. La mayoría de los amplificadores de EMG modernos están diseñados para niveles de impedancia de la piel entre 5 y 50 k Ω (entre pares de electrodos).

Hay que reducir la impedancia existente con el fin de obtener una señal eléctrica de calidad. Si se planifica un movimiento estático o en cámara lenta una simple limpieza con alcohol, para eliminar el sudor, y aplicar un gel conductor es suficiente. Si se planifican condiciones muy dinámicas con riesgo de artefactos de movimiento (por ejemplo, caminar rápido, correr u otros movimientos altamente acelerados), es imprescindible una preparación más completa. En este caso es sugerible afeitar la zona de aplicación del electrodo, como también fijar los cables con esparadrapo.

▪ Colocación de los electrodos

Uno de los puntos más discutidos en la EMG de superficie es la localización de los electrodos debido a que el posicionamiento de estos en relación a los músculos y tendones influye en la amplitud y frecuencia de las señales, como se puede ver en la Imagen 49 (56).

Así, para evitar estas dicotomías, se originó una iniciativa europea para tratar de estandarizar estos factores, es decir la localización, tamaño y forma de los electrodos, Creando en 1996 al SENIAM para tratar de dar ciertas recomendaciones en cuanto a estas variables (58).

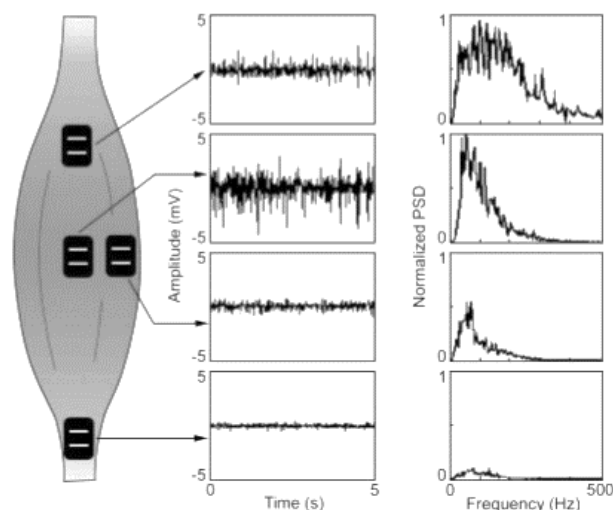


Imagen 49: Influencia del posicionamiento de los electrodos en el músculo. Imagen extraída de (56).

Su objetivo era la redacción de unas recomendaciones para los sensores y el posicionamiento de los mismos a la hora de realizar estudios EMG.

Los aspectos analizados fueron: número de electrodos necesarios para la medición de un único músculo, la distancia entre electrodos, direccionamiento y posicionamiento y la forma de los mismos. Así es que recomienda, utilizar dos electrodos individuales, situados a una distancia cercana a los 20 mm, centro a centro del área conductiva de los electrodos, siguiendo la dirección de la fibra muscular.

Respecto a la forma del electrodo, informa que no afecta pero que el tamaño del electrodo debe quedar limitado ya que un electrodo muy grande podría captar la actividad muscular de fibras cercanas no deseadas. Es por esto que recomiendan electrodos circulares de no más de 10 mm.

En la Imagen 50 y en la Imagen 51 se muestra a través de dos puntos amarillos la orientación del par de electrodos en relación con la dirección de la fibra muscular.

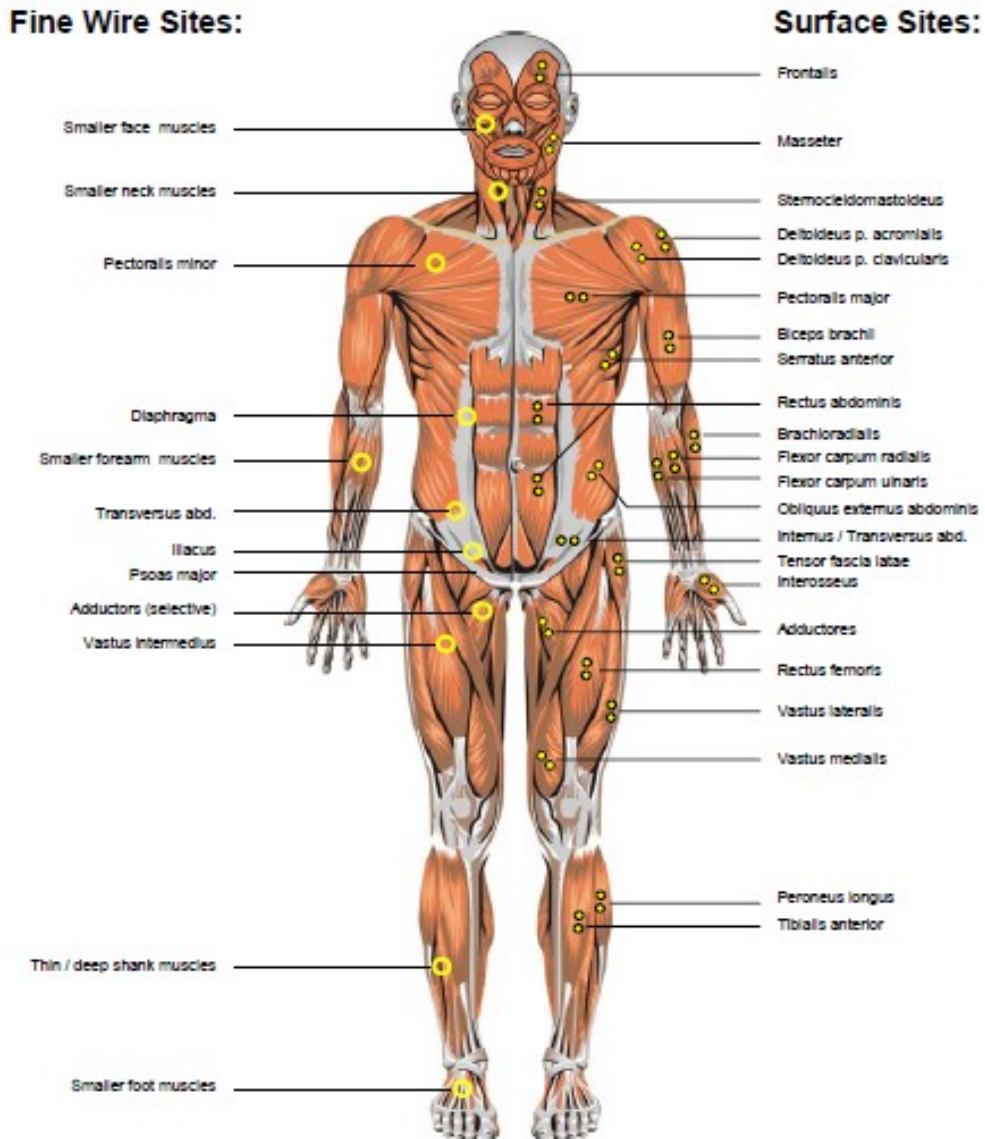


Imagen 50: Sitios anatómicos de electrodos seleccionados, vista frontal. El lado izquierdo indica músculos profundos y posiciones para electrodos de alambre fino, mientras que el lado derecho es para músculos y electrodos de superficie. Imagen extraída de (25).

Fine Wire Sites:

Surface Sites:

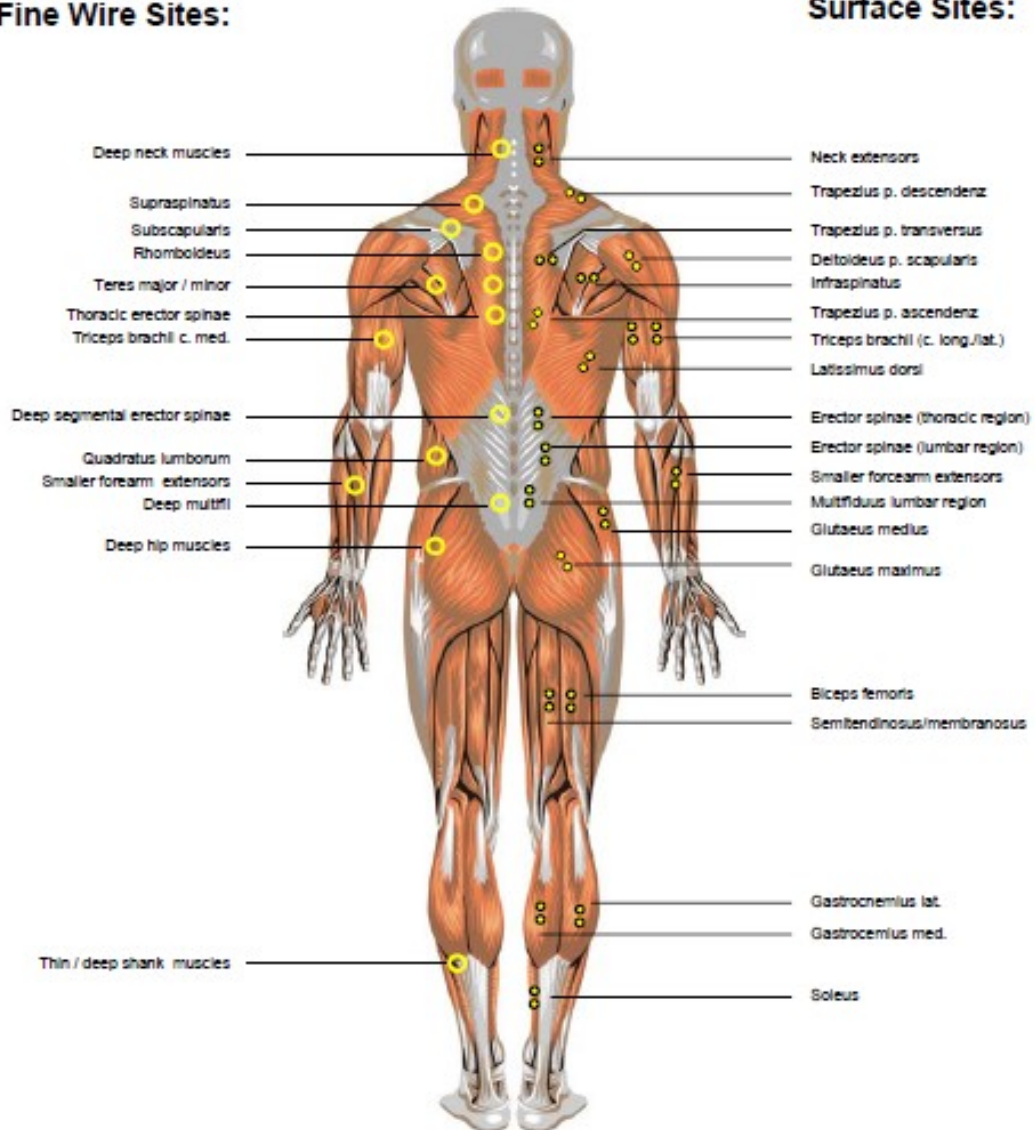


Imagen 51: Sitios anatómicos de electrodos seleccionados, vista dorsal. El lado izquierdo indica músculos profundos y posiciones para electrodos de alambre fino, mientras que el lado derecho es para músculos y electrodos de superficie Imagen extraída de (25).

5. EXOESQUELETO

Es sabido que una rehabilitación que utiliza tecnología robótica basada en el concepto de exoesqueletos, para complementar la labor del fisioterapeuta, aumentaría el efecto terapéutico ya que podrían realizarse sesiones de entrenamiento más prolongadas, debido a la reducción en el esfuerzo muscular del profesional. Este enfoque es el que ha motivado el desarrollo del exoesqueleto ORTE®, a partir del cual este trabajo surge y es gracias al soporte de éste que el presente desarrollo es posible. Es por esta razón por la que se desarrolla esta sección con el fin de presentar los conceptos de un exoesqueleto, describir con mayor profundidad las prestaciones de ORTE® e introducir los conceptos de robótica que se tocarán a lo largo de este trabajo.

5.1. CONCEPTOS GENERALES

Un exoesqueleto se define como un dispositivo mecánico activo esencialmente antropomorfo. El sujeto se lo coloca y éste se ajusta a su cuerpo. Un exoesqueleto puede trabajar en forma coordinada con los movimientos ejercidos por el sujeto o por el sistema propiamente dicho.

Los exoesqueletos son normalmente utilizados para incrementar el desempeño de usuarios sanos y ayudar a gente discapacitada a recuperar algunas capacidades de movimiento. A estos exoesqueletos se los llama órtesis activas en el campo médico. Las órtesis activas presentan, una aplicación particular de los exoesqueletos, las cuales consisten en un mecanismo estructural externo acoplado a la persona y cuyas juntas y eslabones corresponden a las de la parte del cuerpo humano que emula. Su principal característica es que el contacto entre el usuario y el exoesqueleto permite transferir potencia mecánica y señales de información. A diferencia de las órtesis pasivas, estos dispositivos son sistemas mecatrónicos que utilizan actuadores para proveer la fuerza y la movilidad de las articulaciones.

Generalmente los exoesqueletos son clasificados según sus grados de libertad. Cuando se habla de los grados de libertad (GDL) se refiere al movimiento de las piezas en un espacio tridimensional, como la traslación en los tres ejes perpendiculares (adelante/atrás, izquierda/derecha, arriba/abajo), la rotación en piezas cilíndricas o la combinación de movimientos anteriores.

5.2. ORTE®

Los exoesqueletos ofrecen un amplio rango de aplicaciones. En el caso de pacientes con problemas físicos estos dispositivos permiten asistir las terapias de rehabilitación guiando los movimientos de las trayectorias correctas para ayudar al paciente a re-aprender los patrones de motricidad y dar fuerza

de soporte para realizar los movimientos. Dentro de este último campo es donde aparece ORTE[®], un exoesqueleto para la rehabilitación del miembro superior desarrollado por la empresa Aura Innovative Robotics (Imagen 52), con sede en Madrid, España. Este exoesqueleto será el que se utilizará en el presente trabajo. El mismo presenta un diseño ajustable según el tamaño del paciente, con materiales y componentes ligeros.

Este dispositivo está conformado por 6 servomotores que brindan los 6 GDL del sistema, siendo el primero de tipo prismático y los demás rotacionales. A continuación, se describe de forma más detallada las características tomadas en cuenta para el diseño, desarrollo e implementación del exoesqueleto, así como también el tipo de materiales empleados (hardware).



Imagen 52: Prototipo de exoesqueleto de miembro superior para rehabilitación, desarrollado en la empresa Aura Innovative Robotics.

5.2.1. DISEÑO DEL EXOESQUELETO

Uno de los objetivos principales para el diseño del exoesqueleto de miembro superior consistía en brindar un dispositivo ligero, confiable, de fácil uso, eficiente, entre otros, que según el número de grados de libertad pudiese brindar una gran gama de movimientos para mejorar la rehabilitación del paciente, facilitando y optimizando el trabajo del terapeuta.

Es por ello, que en la Imagen 53 se aprecia uno de los primeros prototipos de la órtesis de hombro diseñados en Autodesk Inventor 2015® (software de diseño mecánico y CAD 3D). Se puede apreciar que es un dispositivo ajustable según el tamaño del paciente a tratar bien sea por la altura, tamaño del brazo o del antebrazo. Así como también, a pesar de ser un diseño sencillo para la articulación del hombro, permite efectuar los siguientes tipos de desplazamiento: la flexión, abducción, aducción y extensión. En conjunto con un buen sistema de control se logra alcanzar los objetivos deseados con respecto a diversos tipos de rehabilitaciones acorde a las carencias específicas existentes.

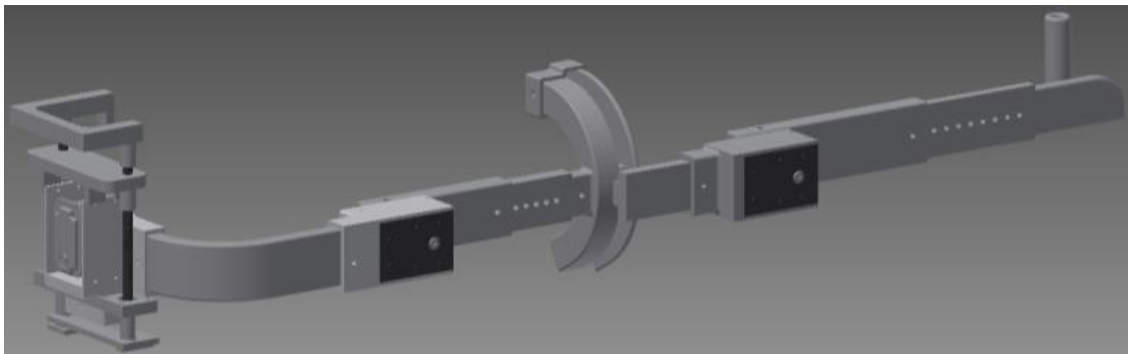


Imagen 53: Diseño en Inventor de las piezas del exoesqueleto de miembro superior. Imagen extraída de (59).

5.2.2. HARDWARE DEL EXOESQUELETO

La mayor parte del exoesqueleto para rehabilitación del miembro superior está conformada por una estructura a base de ABS (plástico muy duro y resistente a altas temperaturas). El dispositivo cuenta con 6 motores en cada una de las articulaciones pertinentes (60), denominados servomotores Dynamixel RX-64 (Imagen 54), los cuales son actuadores inteligentes con la capacidad de realizar un seguimiento de la velocidad, temperatura, posición del eje, voltaje y carga.



Imagen 54: Servomotor Dynamixel RX-64.

Estos servomotores, según la especificación técnica del producto (61), poseen una relación de reducción 200:1, también tienen un microcontrolador incorporado que gracias al algoritmo de control se puede ajustar la posición del eje, la velocidad y la fuerza de la respuesta de cada motor de forma

individual. Por ejemplo, entre las herramientas de configuración del servomotor se puede modificar la limitación del par, limitaciones de entrada o velocidad de movimiento, entre otros.

5.3. ROBÓTICA ASOCIADA

En el próximo apartado se tratará acerca de la física involucrada en el movimiento espacial en función del tiempo de un exoesqueleto desde la teoría de la robótica. Para esto, se desarrollarán conceptos de cinemática del movimiento, tanto directa como inversa, y sobre la dinámica del mismo.

Cuando se quiere diseñar un robot, en nuestro caso un exoesqueleto que sirva como órtesis de rehabilitación, existe una inevitable relación causa-efecto entre la cinemática y la dinámica que gobierna la física del mismo. La primera busca estudiar el movimiento de un robot con respecto a un sistema de referencia a fin de determinar las relaciones entre la posición y orientación de la extremidad del robot (localización) y los valores de sus coordenadas articulares. Mientras que la segunda se basa en relacionar el movimiento de un robot y las fuerzas implicadas en causar los cambios de estado físico y/o de movimiento.

5.3.1. CINEMÁTICA ORTE®

En el análisis de la cinemática se tienen dos enfoques diferenciados, los denominados cinemática directa y cinemática inversa. La **cinemática directa** se basa en determinar la posición de las partes de un cuerpo en un sistema de referencia absoluto a partir de los ángulos de las uniones que lo componen, mientras que la **cinemática inversa** determina los ángulos de las uniones a partir de una posición determinada en la que se encuentra el cuerpo en el espacio. En la práctica suelen utilizarse de manera conjunta, utilizando un método para validar al otro.



Imagen 55: Representación esquemática de la cinemática de un robot.

La cinemática directa se refiere al uso de ecuaciones cinemáticas para determinar el movimiento de una cadena de articulaciones para lograr que un actuador final se ubique en una posición concreta.

Según un sistema de coordenadas que se toma de referencia se determina la relación entre la posición y la orientación del efector final del exoesqueleto de miembro superior, partiendo de los

valores conocidos de las articulaciones y los parámetros geométricos de los elementos del dispositivo.

Denavit y Hartenberg propusieron un método sistemático para descubrir y representar la geometría espacial de los elementos de una cadena cinemática, con respecto a un sistema de referencia fijo. Este método consiste en encontrar una **matriz de transformación homogénea** de dimensión 4x4 (Ecuación 1), que relacione la localización espacial del robot con respecto al sistema de coordenadas de su base, para descubrir la relación espacial entre dos elementos rígidos adyacentes.

Genéricamente se tiene la matriz de transformación homogénea entre un sistema m y uno de referencia n, en donde se puede definir las siguientes submatrices: una **matriz de orientación** con una dimensión de 3x3, en donde se describe las traslaciones que sufre el sistema m con respecto al sistema n; una **matriz posición** 3x1, que ubica en el espacio de 3 dimensiones al sistema m con respecto al sistema n; una **matriz perspectiva** 1x3; y un escalar que representa el **factor de escala**.

$${}^nH_m[4x4] = \begin{bmatrix} \text{matriz de orientación } [3x3] & \text{posición } [3x1] \\ \text{perspectiva } [1x3] & \text{escala } [1x1] \end{bmatrix} \quad [1]$$

Realizando este análisis para cada instante de tiempo t, podemos decir que se trata entonces de una descripción analítica del movimiento espacial del robot como una función del tiempo, a partir del cual podemos conocer la posición, velocidad, y a aceleración de un segmento articular.

La cinemática inversa es el proceso inverso por el cual se obtienen modelos matemáticos que permiten, a partir de una posición específica del actuador final, calcular la posición (ángulos) y los desplazamientos de los actuadores. Esta etapa suele utilizarse como método de control y validación de lo obtenido por medio de la cinemática directa.

5.3.2. DINÁMICA ORTE®

El modelo dinámico de un robot tiene por objeto conocer la relación entre el movimiento del robot y las fuerzas implicadas en el mismo. Éste establece relaciones matemáticas entre las coordenadas articulares (o las coordenadas del extremo del robot), sus derivadas (velocidad y aceleración), las fuerzas y pares aplicados en las articulaciones (o en el extremo) y los parámetros dimensionales del robot (longitud, masa, inercias, etcétera). El modelo debe presentar un enfoque dinámico debido a que las fuerzas dependen de las trayectorias pasadas (62).

Para el presente trabajo se utilizó un software que permite resolver el problema de la dinámica del exoesqueleto de rehabilitación de miembro superior. Se implementa un software de simulación de sistemas mecánicos que brinda herramientas de modelado, análisis, y capacidades de visualización. Esto permite a los usuarios crear prototipos virtuales reales simulando el comportamiento de sistemas mecánicos complejos, sobre sus ordenadores y rápidamente analiza múltiples variaciones de diseño hasta que un diseño óptimo sea alcanzado. Esto reduce el número de prototipos físicos costosos, mejora la calidad de diseño, y reduciendo radicalmente el tiempo de desarrollo de producto.

Como la mayoría de los programas multicuerpos, se toma como entrada el número de cuerpos en el sistema mecánico que está siendo modelado. Los organismos se denominan partes, que pueden ser rígidas o flexibles, y las propiedades de masa para cada parte debe estar definida. Además deben definirse las piezas que están conectadas entre sí a través de las articulaciones. El grado de libertad de una parte tiene relación con otra parte, que depende de las características de la articulación.

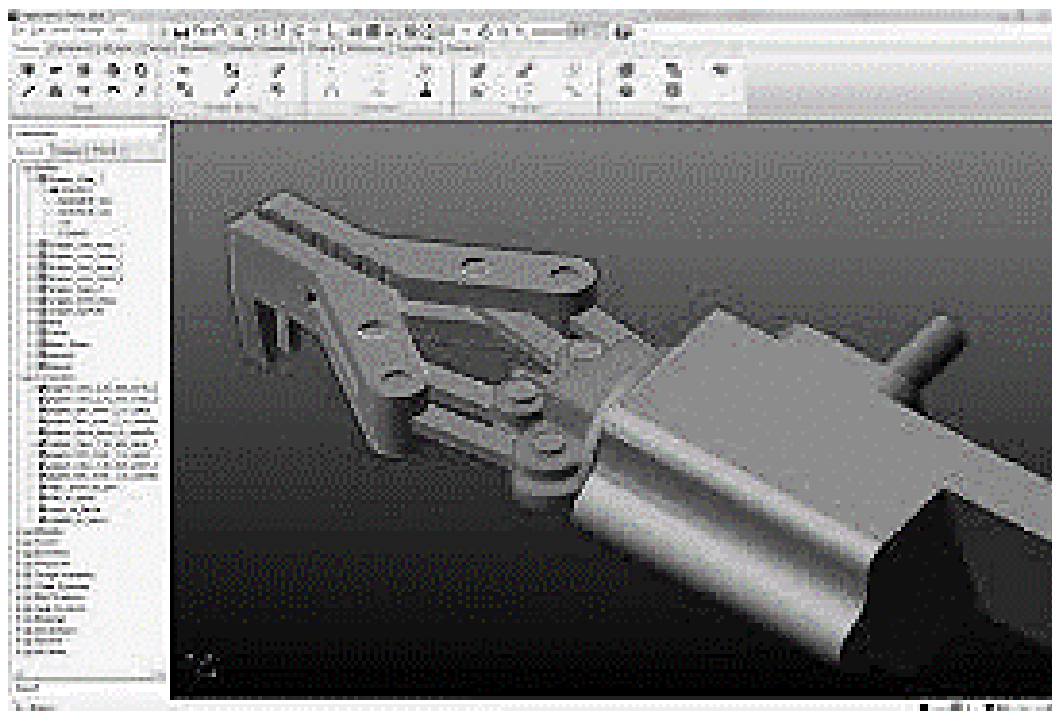


Imagen 56: Interfaz del software de modelado con parte del exoesqueleto ORTE® cargado.

El software genera las ecuaciones matemáticas que describen la dinámica del sistema mecánico, y el software procede a encontrar soluciones para cada paso de tiempo en la simulación. La simulación construye una imagen de cómo, en cada paso de tiempo, cada parte en el modelo se mueve en el espacio de 3 dimensiones (traslada y rota). Cuando la simulación se ha completado, todos los movimientos y las fuerzas están a disposición del usuario para su revisión y para su posterior análisis.

6. ESTADO DEL ARTE DEL MODELADO MUSCULAR

El músculo es un tipo de tejido capaz de contraerse y, por lo tanto, acortarse, produciendo una fuerza de tracción capaz de generar movimiento. Debido a su gran importancia en la actividad humana general, se han llevado a cabo importantes investigaciones sobre su anatomía y fisiología. El análisis de su actividad es esencial para comprender cómo se genera la fuerza al realizar un movimiento y cómo ésta puede ser estimada. (63)

La simulación por computadora de las capacidades humanas ha demostrado ser útil en muchas actividades de investigación y desarrollo, tales como: análisis de las principales acciones atléticas, para mejorar las diferentes actuaciones deportivas; optimización del diseño de equipos deportivos; estudios ergonómicos y de ortopedia, para mejorar el diseño y análisis de prótesis; estudios de la función neuromuscular, para establecer la función motora perdida o alterada en las personas con discapacidad; identificar controles biomecánicos responsables del movimiento humano, tema fundamental en la robótica humanoide, ya que primero necesitamos entender cómo los humanos se mueven y actúan para interpolar los patrones de movimiento humano en robótica y diseñar actuadores humanos como órtesis robóticas. (64) (65)

En todos ellos fue importante el desarrollo de un modelo sólido y robusto que represente con precisión los sistemas biológicos reales, permitiendo comprenderlos y estudiarlos. El interés en el desarrollo de modelos que permitan simular diferentes acciones humanas proviene de la necesidad de predecir con suficiente precisión el comportamiento del cuerpo. Estas dos funciones de comprensión y predicción no están necesariamente relacionadas. Un modelo que describe sus propiedades relevantes por conceptos elementales, generalmente permite la predicción de estas propiedades. Por otro lado, existen modelos predictivos, que se derivan de un conjunto de datos de entrada y salida estadísticos o medidos que contribuyen poco o nada a la comprensión del sistema cuyo comportamiento predicen. (66)

Un modelo muscular es una descripción de cómo se comporta un músculo bajo diferentes condiciones de operación, en las cuales, tanto el comportamiento mecánico como el gasto energético metabólico son variables importantes en el estudio de dichos movimientos (67). El objetivo de este apartado es realizar una revisión bibliográfica acerca de los tipos de modelos musculares que se han desarrollado, a fin de poder estudiarlos y así utilizar aquél que nos permita predecir la fuerza o el par en una articulación según las necesidades del trabajo.

6.1. MODELADO MUSCULAR

Dependiendo de la dirección en que se representan los procesos neurofisiológicos y biomecánicos en el modelo, hay dos enfoques de modelado tradicionales para estudiar la biomecánica del movimiento humano: dinámica directa y dinámica inversa.

La **dinámica directa**, se utiliza para calcular los procesos internos en el mismo orden en el que ocurren en el sistema real. La entrada en un modelo de este tipo es una medida o estimación de un comando neuronal, mientras que la salida suele ser el par de articulación o los movimientos de las extremidades.

Por otra parte, la **dinámica inversa** describe los procesos subyacentes a los movimientos y así la entrada al modelo es una trayectoria de movimiento medida o deseada, es decir se comienza midiendo la posición y el modelo luego predice el patrón de estimulación o cualquier otra cantidad interna, que es necesaria para lograr el movimiento predefinido, entre ellos el par de las articulaciones. (66)

Un punto crucial en la simulación de la actividad muscular, es la definición correcta de la dinámica del tejido muscular. Según varios autores (64) (66) (68), la dinámica del tejido muscular puede dividirse en dinámica de activación y dinámica de contracción. La **dinámica de activación** describe el desfase temporal entre la señal neuronal y la activación muscular correspondiente, transformando la señal neuronal en una medida de activación muscular y se describe como una relación de la señal de EMG, o mediante una ecuación diferencial de primer orden. La **dinámica de la contracción** describe la transformación de la activación muscular en la producción de fuerza muscular. Dicho proceso suele ser más complejo, razón por la cual se requiere el uso de modelos matemáticos específicos.

6.2. CLASIFICACIÓN DE MODELOS

Existen una gran variedad de diferentes modelos de dinámica de contratación muscular, y Zahalak (62) propuso una manera de clasificarlos según el nivel de estructura tratada. De este modo se tienen:

- **Modelos Microscópicos:** son modelos que explican el mecanismo de contracción muscular que ocurre dentro de las fibras musculares a nivel de los puentes cruzados, con gran precisión desde un punto de vista bioquímico. Su objetivo es simular el impulso nervioso y la interacción nervio-músculo en función de los neurotransmisores y la apertura y cierre de los canales iónicos, determinando así la fuerza muscular en función a las tasas de unión y desprendimiento de los puentes cruzados de actina-miosina.

Aunque este modelo es un excelente predictor de la fuerza muscular y la energía en estado estacionario, generalmente es computacionalmente muy complejo modelar un músculo completo de esta manera. El origen de estos modelos se lo atribuye a A.F. Huxley con el modelo bioquímico que lleva su nombre.

- **Modelo de distribución/momento:** Intentan simular la contracción de las fibras musculares de forma individual. Se plantea como un híbrido, en donde utiliza la teoría microscópica y la generaliza para poder ser analizada de modo macroscópico. Son modelos que no se encuentran ampliamente difundidos como los otros dos.
- **Modelos Macroscópicos:** en estos modelos el músculo se representa como un componente individual y se pueden dividir en:
 - **Modelos viscoelásticos:** estos modelos a su vez se pueden clasificar en pasivos o activos. Los modelos pasivos, como los modelos Maxwell, Voight y Kelvin, son capaces de simular con precisión el comportamiento de los tejidos blandos bajo cargas compresivas y de tracción. Sin embargo, estos modelos no son capaces de simular la acción muscular activa ya que no tienen un elemento contráctil. Esta cuestión importante fue resuelta por Hill en 1938 (69), con la introducción de un nuevo modelo muscular, en el que el comportamiento muscular activo se describe adecuadamente utilizando un elemento contráctil. (63) (64)
 - **Modelos cajas negras:** comprende una función de transferencia de orden superior lineal o no lineal. Estos son un tipo de modelos que predicen muy bien el comportamiento del músculo pero que no aportan nada a la comprensión del proceso de contracción y generación de fuerzas. El contenido está determinado por procedimientos de identificación formal de parámetros como el caso de las redes neuronales. (63) (70)

6.2.1. MODELOS MICROSCÓPICOS (MODELO MUSCULAR DE HUXLEY)

El **modelo de Huxley** es un modelo complejo que combina los procesos bioquímicos y físicos con la microestructura del músculo.

El modelo de la contracción muscular de Huxley formulado hace más de 50 años (71), es todavía el modelo más usado por los científicos que buscan comprender el mecanismo de contracción muscular a un nivel microscópico. Este hecho refleja tanto la simplicidad del modelo como la incapacidad de los modelos desarrollados posteriormente de replicar su precisión en pruebas experimentales. Es importante tener en cuenta que este modelo es anterior a la noción de la rotación de las cabezas de miosina (proceso que se describió en la fisiología del movimiento), de hecho, en el momento se consideró debatible que los puentes cruzados fueran los actores en la generación del deslizamiento relativo de las dos clases de fibra. El modelo propuesto por Huxley ayudó a la validación de este concepto. (65)

En el análisis de medio sarcómero, Huxley imaginó las cabezas de miosina unidas a los filamentos de actina por brazos elásticos, tal como se observa en la Imagen 57. Cuando el músculo es estimulado, esas cabezas que se encuentran próximas a los sitios de unión de los filamentos de actina, se acoplan a dichos sitios. La fuerza entonces se aplica a los filamentos de actina a través de los brazos elásticos de los puentes cruzados; una fuerza contráctil es creada si dicho brazo está en un estado de extensión. Debido a que la velocidad de contracción tiende a acortar los brazos elásticos, con el fin de que se cree una nueva fuerza se debe suponer que el brazo de los puentes cruzados ya está extendido cuando se une al puente cruzado. (68) (72)

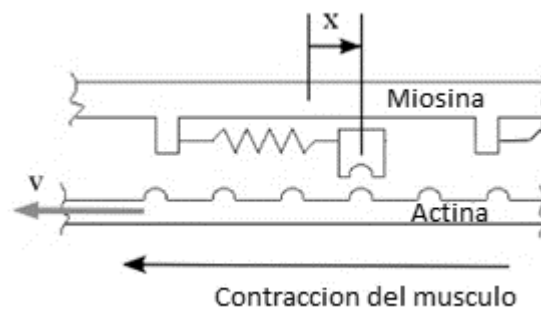


Imagen 57: Modelo de la contracción muscular de Huxley.

La variable de importancia para el problema es entonces el desplazamiento x . Basado en el enorme número de puentes cruzados que participan, es razonable para modelar el número de puentes cruzados como una distribución en x , donde el número de puentes cruzados, los cuales están unidos a los filamentos de actina en el tiempo t y tuvieron un desplazamiento entre a y b , pueden ser calculados como una integral entre a y b del conjunto de aportes de los puentes cruzados. (73)

Huxley propuso que este desplazamiento x podría ser proporcionado por la agitación térmica de la cabeza de los puentes cruzados. Debido a que esta agitación debe ser capaz tanto de contraer como de extender las cabezas de cada puente cruzado, Huxley sugirió que la unión sería por un mecanismo mecánico-químico no especificado, que facilita a los puentes cruzados que se desplazan de manera positiva y dificultan aquellos cuyas colas se encuentran en una posición de reposo o contraídos. Es por esto que la nombrada distribución en x para el número de puentes cruzados en el intervalo (a,b) va a suponer una tasa de *creación* de puentes cruzados y una tasa de *extinción* de los mismos, dándole el carácter propio de la dinámica de poblaciones. Por otra parte, aunque en general se reconozca que los materiales biológicos son generalmente no lineales, Huxley y la mayoría de los investigadores de su modelo asume que la elasticidad en las cabezas de miosina si es lineal. En parte se justifica por conveniencia y en parte porque en vista de la gran cantidad de elasticidades involucradas considerar una única elasticidad promedio puede ser apropiado.

6.2.2. MODELOS DISTRIBUCION/MOMENTO

Como ya se introdujo en las secciones anteriores, existen dos corrientes principales de modelos musculares, el microscópico de Huxley y el macroscópico de Hill. El **modelo de Distribución-Momento** (74) se presenta como un puente entre estos dos puntos de vista, ya que se erige como una teoría que tiene como objetivo generar un modelo macroscópico del músculo (modelo de Hill) al tiempo que conserva gran parte de la presunta veracidad biológica del modelo de Huxley. Diversos autores han desarrollado este modelo ((75) (76) (77)) obteniendo resultados satisfactorios y dando pie a una nueva rama del modelado de músculos.

Este tipo de modelos al ser aproximaciones estrictamente matemáticas de los modelos de Huxley, conserva mucho de la veracidad física de estos últimos, mientras que permite un manejo matemático adecuado. Pero incluso cuando se lo plantea de un modo simplificado, sigue siendo significativamente más complejo que la representación que plantea Hill. Desde el punto de vista práctico, para los sistemas musculares múltiples contiene importantes deficiencias debido al gran número de parámetros y además presenta un complicado comportamiento no lineal.

De todos modos, haciendo una elección apropiada de los parámetros que intervienen, este tipo de modelos puede ofrecer predicciones bastante razonables de la mayor parte de los comportamientos muscular, tanto en el acortamiento como en el estiramiento, tanto desde el punto de vista mecánico como energético.

Las variables de estado del modelo son en principio todas cantidades físicas mensurables y no necesitan incluir las variables internas, como "el estado de activación" que dependen del modelo para su definición.

Debido a su complejidad matemática, que por tanto se traduce a costo computacional, y debido a que no se pretende modelar con exactitud el funcionamiento biológico del músculo, este tipo de modelos queda descartado para el posterior estudio.

6.2.3. MODELOS MACROSCÓPICOS

Dos de los modelos musculares en los que enfocaremos el análisis se enmarcan en la categoría de modelos macroscópicos y que, en conjunto con la cinemática de la articulación y la actividad neuromuscular, permiten predecir el par desarrollado por un músculo. Estos son el modelo de Hill y el basado en redes neuronales. Estos se diferencian en que el primero es un modelo semi-analítico, mientras que el segundo queda dentro de los que tratan al músculo como una caja negra. (70)

▪ MODELO DE HILL

Actualmente, el **modelo de Hill** es el más utilizado en la modelización músculoesquelética (por ejemplo, (78) (79) (80)). Este modelo no intenta modelar directamente los mecanismos microscópicos de la contracción muscular, sino que busca reproducir las propiedades del comportamiento muscular. Es un **modelo fenomenológico**, es decir que lo que se pretende caracterizar es el comportamiento externo del modelo, en lugar de la fisiología de fondo, empleando funciones matemáticas que relacionan las condiciones experimentales (por ejemplo, la longitud y velocidad muscular) con el resultado final (la fuerza). Los modelos músculoesqueléticos que utilizan el modelo de Hill se han aplicado con éxito para estudiar fenómenos en los que solo se considera el comportamiento mecánico (por ejemplo, (81) (82) (83) (84)). Sin embargo, no existe una relación directa entre el comportamiento metabólico y mecánico. (68) (72)

El comportamiento mecánico del tejido muscular puede describirse por medio de **elementos pasivos en serie (SE)** tales como resortes y **elementos de amortiguación (DE)**. Estos elementos, combinados adecuadamente, permiten comprender la respuesta del tejido muscular bajo cargas compresivas y de fuerza. Es posible encontrar diferentes modelos que combinan las propiedades de esos componentes mecánicos: el **modelo de Maxwell** (Imagen 58a) usa ambos elementos unidos en serie. Por el contrario, en el **modelo de Voight** (Imagen 58b), esos elementos se usan en paralelo. Finalmente, el **modelo de Kelvin** (Imagen 58c) modifica el modelo de Voight para incluir un resorte adicional en serie con el DE. Las diferentes combinaciones de resortes y amortiguadores están destinadas a mejorar la respuesta fisiológica, sin embargo, como estos modelos están compuestos por elementos pasivos, no son capaces de reproducir adecuadamente la contracción muscular activa. Este problema fue resuelto por Hill al introducir un **elemento contráctil (CE)**. (63) (65)

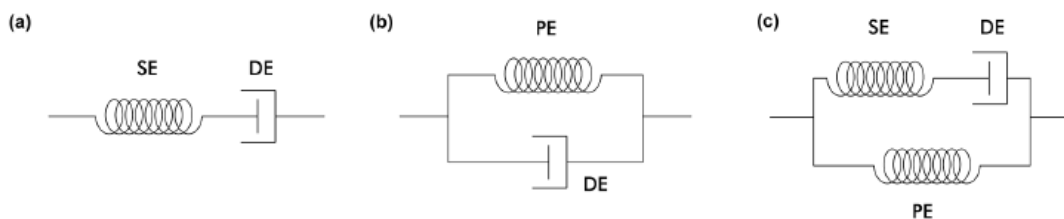


Imagen 58: Diferentes modelos del comportamiento mecánico del músculo, compuestos solamente por elemento pasivos.

Hoy en día, el modelo muscular tipo Hill (Imagen 59) es el más utilizado en estudios biomecánicos que involucran la coordinación muscular ((85) (86) (87) (88) (89)).

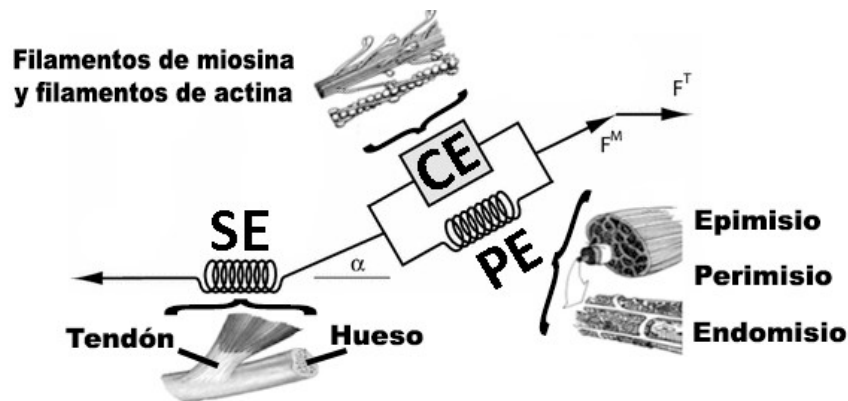


Imagen 59: Modelo mecánico de Hill que ilustra los componentes biológicos con sus análogos mecánicos. Este modelo tiene tres componentes principales: el elemento serie (SE), el elemento paralelo (PE), y el elemento contráctil (CE).

La unidad músculo-tendón puede entonces definirse (69) como una estructura integrada por un **elemento contráctil (CE)** que representa las proteínas contráctiles de las miofibrillas (actina y miosina); por dos componentes no contráctiles: el **elemento elástico pasivo en paralelo (PE)** compuesto por tejido conectivo (epimisio, perimisio, endomisio, sarcolema), y el **elemento elástico pasivo en serie (SE)** que representa al tendón (¡Error! No se encuentra el origen de la referencia.). El componente elástico en serie es pasivamente estirado por una fuerza externa e interactúa con el componente contráctil, funcionando como un almacén de energía elástica y como un amortiguador (20).

El modelo de Hill captura dos propiedades mecánicas fundamentales asociadas con el desarrollo de la fuerza muscular las cuales son la relación fuerza-longitud y la relación fuerza-velocidad.

Cuando todo el músculo se estira o se acorta a varias longitudes diferentes, la producción de fuerza resultante se mide y se traza en función de la longitud. Sin activación muscular, el músculo solo desarrolla la fuerza de restauración pasiva contra un mayor estiramiento. Con la activación muscular, el músculo se contrae y genera una fuerza activa. La fuerza total es la suma de las fuerzas activas y pasivas (ver Imagen 60a).

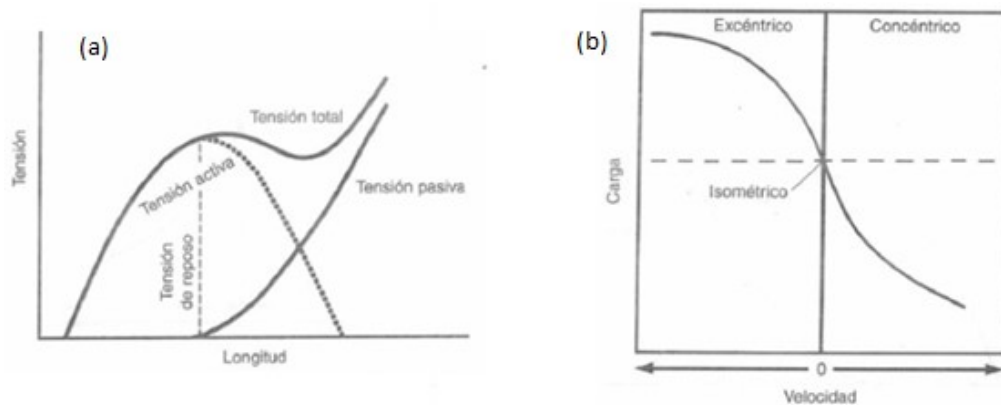


Imagen 60: Curvas características del músculo. (a) Representa la Curva Fuerza-Longitud de fibra muscular. (b) Representa la relación Fuerza-Velocidad de movimiento del brazo de palanca del músculo en relación a la carga externa.

La propiedad fuerza-velocidad del músculo es la relación entre la velocidad a la que el músculo se acorta y la cantidad de fuerza que produce (representada en la Imagen 60b). Para cuantificar esta relación, un músculo totalmente activado se sujeta isométricamente y luego se libera de repente para permitir el acortamiento contra una carga externa. Cuando no hay carga en el músculo, se experimenta la máxima velocidad de acortamiento. A medida que aumenta la carga externa, la velocidad de acortamiento disminuye. (70)

La curva de esta propiedad se modela siguiendo la ecuación hiperbólica (que también se conoce como la ecuación de Hill):

$$(F + a)(v + b) = b(F_0 + a) \quad [2]$$

Donde F es la fuerza generada por el músculo, v es la velocidad de acortamiento, F_0 es la fuerza isométrica máxima, a y b son constantes relacionadas con una clase específica de músculo.

▪ MODELOS BASADOS EN REDES NEURONALES

En contraste con el modelo muscular de Hill que podría considerarse como una aproximación simplificada de la biología y la mecánica del músculo esquelético, el **modelo muscular basado en redes neuronales** es un modelo matemático donde se relacionan los elementos de la entrada al conjunto de salida, sin la necesidad de conocer lo que ocurre adentro de lo que se llama “caja negra”. (90)

Existen diversas definiciones sobre lo que son las redes neuronales, pero quizás una de las más acertadas para el enfoque de modelos biológicos, como lo son los musculares, sería definirlos como un sistema computacional compuesto por un gran número de elementos simples de procesamiento muy interconectados, los cuales procesan información por medio de su estado dinámico como respuesta a entradas externas (91).

Debido a su constitución y a sus fundamentos, las redes neuronales artificiales presentan un gran número de características semejantes a las del cerebro, las cuales brindan a estos modelos un atractivo importante en los trabajos modernos. Por ejemplo, son capaces de aprender de un entrenamiento inicial y de la experiencia recolectada en su uso, de generalizar casos anteriores a nuevos casos, de abstraer características esenciales a partir de entradas que representan información irrelevante, pueden realizar operaciones en tiempo real, entre otras cosas.

En la Imagen 61 se puede ver un esquema clásico de la composición de una red neuronal.

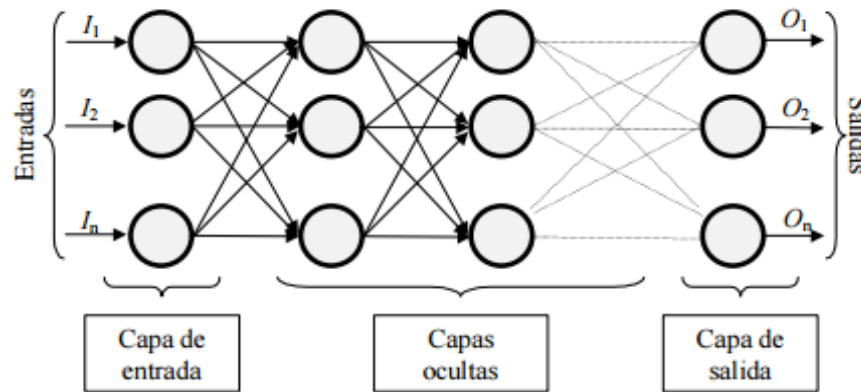


Imagen 61: Diagrama básico de la estructura de una red neuronal.

Las redes neuronales se encuentran inspiradas en la estructura que presentan las neuronas del cerebro (de ahí donde radica su nombre), y del mismo modo están constituidas por neuronas interconectadas y arregladas en tres capas (esto último puede variar). Los datos ingresan por medio de la “capa de entrada”, pasan a través de la “capa oculta” (la cual no es visible desde fuera del sistema, otorgándole al mismo el carácter de caja negra) y salen por la “capa de salida”. Cabe mencionar que la capa oculta puede estar constituida por varias capas. (66)

Dichas neuronas se encuentran unidas por “dendritas” (su equivalente biológico) y hacen “sinapsis” entre sí, siguiendo una determinada lógica dada al momento de su confección, siendo estas las uniones que relacionan un elemento con otro y se denominan pesos. Dichos pesos no son más que escalares que realizan un producto punto con el valor que “ingresa” y lo “entregan” a la siguiente neurona. (70)

Dentro de cada neurona, todos los elementos que llegan son sumados entre sí, y luego se les aplica una función de activación. Una neurona biológica puede estar activa (excitada) o inactiva (no excitada) es decir, que tiene un “estado de activación”. Las neuronas artificiales también tienen diferentes estados de activación. Algunas de ellas solamente dos, al igual que las biológicas, pero otras pueden tomar cualquier valor dentro de un conjunto determinado. La función activación calcula el estado de actividad de una neurona; transformando la entrada en un valor (estado) de activación, cuyo rango normalmente va de 0 a 1. Las funciones de activación más utilizadas son la función lineal, la función sigmoidea y la función tangente hiperbólica.

En una primera instancia se conoce una cierta cantidad de valores de entrada que caracterizan el modelo, y se sabe cuál es la respuesta que uno espera obtener para dichos valores. Sin embargo, la utilidad de las redes neuronales radica en que pueda ser utilizada para cualquier valor de entrada y que la misma sea capaz de dar una salida correcta. Para esto, la red debe “entrenarse” para encontrarse apta frente a cualquier situación. Este proceso de aprendizaje se denomina: proceso de

entrenamiento o acondicionamiento. De todos los elementos que la componen, ni la topología de la red ni las diferentes funciones de cada neurona (entrada, activación y salida) pueden cambiar durante el aprendizaje, de este modo sólo quedan los pesos para poder ser modificados. Dicho de otro modo, el aprendizaje de una red neuronal significa adaptación de los pesos.

En otras palabras, el aprendizaje es el proceso por el cual una red neuronal modifica sus pesos en respuesta a una información de entrada. Los cambios que se producen durante el mismo se reducen a la destrucción, modificación y creación de conexiones entre las neuronas. En los sistemas biológicos existe una continua destrucción y creación de conexiones entre las neuronas. En los modelos de redes neuronales artificiales, la creación de una nueva conexión implica que el peso de la misma pasa a tener un valor distinto de cero. De la misma manera, una conexión se destruye cuando su peso pasa a ser cero. La forma que tiene el sistema para determinar qué tan errada fue su salida estimada con respecto a la real, es utilizar el error que se incurrió y de este modo ajustar los pesos.

Normalmente el entrenamiento se detiene cuando el cálculo del error cuadrado sobre todos los ejemplos de entrenamiento ha alcanzado un mínimo o cuando para cada uno de los ejemplos dados, el error observado está por debajo de un determinado umbral. En este momento, la red neuronal se encuentra preparada para poder a casi cualquier entrada asociarle un valor de salida. Queda en la robustez con la que se haya diseñado la red para que la salida sea lo más fidedigna posible, donde los parámetros críticos incluyen las variables independientes de entrada, las capas y conexiones de las capas ocultas, los pesos seleccionados, y la base de datos que se disponga de asociaciones entrada-salida, con la cual entrenar la red y poder corroborar la exactitud de la misma, sea lo más representativa de la realidad posible. (90) (70) (66)

6.3. CONCLUSIONES

En la actualidad los modelos basados en Huxley son utilizados casi en exclusividad por bioquímicos y biofísicos de músculos, con el fin de entender los mecanismos de contracción a un nivel molecular y poder interpretar resultados experimentales. Aunque se plantea como un modelo que mejor describe la realidad al más bajo nivel observable, es demasiado complicado para servir como representación matemática de los músculos en el estudio de control de actuadores, y rara vez son encontrados en la bibliografía orientados a esta tarea. Por otro lado, ingenieros biomédicos y científicos del movimiento utilizan de manera preferente los modelos a una escala mayor, como son los macroscópicos, a fin de entender el comportamiento de todo el conjunto de músculos y cómo actúan dentro del sistema muscular a la hora de efectuar un movimiento.

Como se explicó, el modelo de Hill es un modelo del tipo fenomenológico basado en parámetros agrupados del modelo músculo esquelético, mientras que el modelo basado en redes neuronales por su estructura, es un modelo de caja negra (solo asocia entradas a salidas) que no pretende conocer la compleja estructura interna de un músculo.

El poder de la Redes Neuronales para actuar como un “mioprocesador”, para estimar el par que debe hacer una articulación, reside en su capacidad para asociar conjuntos de entradas y salidas predefinidas. Las redes neuronales son capaces de representar la fisiología de un operador específico para tareas definidas en la sesión de entrenamiento, pero su alcance está limitado para esa sesión de entrenamiento únicamente. A medida que se realizan tareas fuera del espacio definido por ese set de entrenamiento o al aplicar la red neuronal predefinida a sujetos diferentes, se conoce que estos modelos comienzan a perder su eficiencia.

El modelo de Hill, por otro lado, es universal. Son válidos para la mayoría de los individuos y pueden manejar una amplia variedad de situaciones, además de que no necesita ninguna sesión de entrenamiento, y debido a su forma compacta y su pequeño número de parámetros, no requiere gran poder computacional. Esto es un factor importante, ya que la manipulación de redes neuronales con, por ejemplo, 50 neuronas en sus capas intermedias no es una tarea numérica simple y requiere una alta capacidad de procesamiento. La arquitectura del modelo de Hill es compleja y requiere de la resolución de un conjunto de ecuaciones diferenciales; sin embargo, el número de parámetros es relativamente pequeño y son parámetros que están relacionados con la anatomía y fisiología de una persona promedio.

Debido a su generalidad e independencia de las sesiones de entrenamiento es que se eligió el modelo de Hill.

7. OPTIMIZACIÓN

La optimización es el proceso de hacer algo mejor. Consiste en aplicar variaciones sobre un concepto inicial y utilizar la información obtenida para mejorar la idea y obtener la mejor solución (92).

Hablar de "mejor" solución implica que hay más de una solución y que las soluciones no son todas del mismo valor. La definición de "mejor" es relativo al problema, a su método de solución y a las tolerancias admitidas. Por lo tanto, la solución óptima depende de la persona que formula el problema.

La optimización es el proceso de ajuste de las entradas o características de un dispositivo, de un proceso matemático o de un experimento para encontrar el mínimo o máximo de la salida o del resultado. La entrada consiste en variables. El proceso o la función se conoce como la función de coste, función objetivo o *función fitness*; y el resultado es el costo o el fitness. Definimos a la salida de la función o proceso como el **costo**. Debido a que éste es algo que siempre se busca disminuir, la optimización se convierte en minimización (92).

Buscar la superficie de la función costo (Imagen 62), es decir todos los valores posibles de la función de interés, es la tarea principal para todas las rutinas de optimización. Generalmente una superficie de la función costo tiene muchos picos, valles y crestas. Un algoritmo de optimización funciona de manera muy similar a como un excursionista trataría de encontrar la mínima altitud en un Parque Nacional. Comenzando en algún lugar aleatorio dentro del parque, el objetivo es proceder inteligentemente para encontrar la altura mínima. Hay muchos caminos para llegar a la altura mínima desde un único punto al azar. Además, no hay ninguna garantía de que no haya un punto aún más bajo del otro lado de la montaña, del que pueda haber encontrado. Por otra parte, ciertas restricciones, tales como acantilados u osos, influyen en el camino que el excursionista podría elegir. Enfoques donde únicamente se desciende son generalmente incapaces de encontrar el óptimo global a menos que la superficie de costo sea cuadrática (es decir que tenga forma de cuenco) (92).

La mayoría de los métodos de optimización toman el mismo enfoque básico de dirigirse hacia abajo en la superficie de la función costo desde un punto de partida arbitrario. Se diferencian en decidir en qué dirección moverse y cuánto moverse. Sucesivas mejoras aumentan la velocidad de los algoritmos de descenso, pero no le agregan al algoritmo la capacidad de discernir entre un mínimo global y un mínimo local.

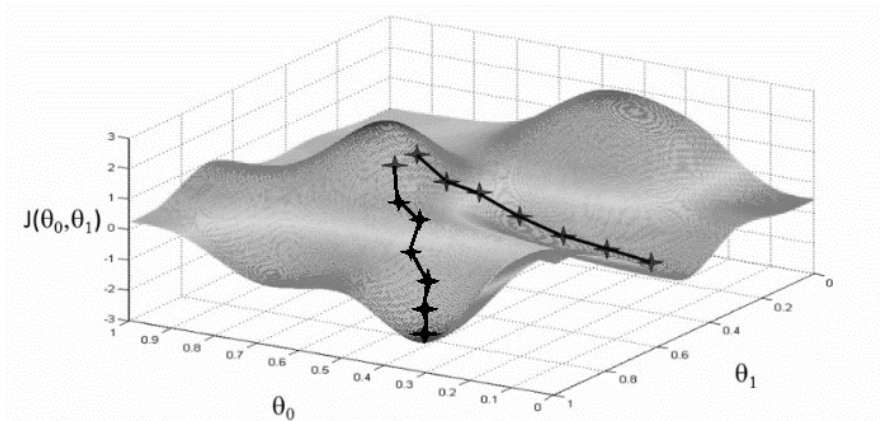


Imagen 62: Ejemplo de una función costo. Siguiendo la analogía del excursionista, se observan los distintos caminos que éste podría realizar.

Sin embargo, algunos algoritmos excepcionales han surgido en los últimos tiempos. Algunos de estos métodos incluyen los algoritmos genéticos (Holland, 1975), recocido simulado (Kirkpatrick et al., 1983), optimización de enjambre de partículas (Parsopoulos y Vrahatis, 2002), optimización de Colonia de hormigas (Dorigo y Maria, 1997) y algoritmos evolutivos (Schwefel, 1995). Estos métodos generan nuevos puntos en el espacio de búsqueda aplicando operadores a los puntos actuales y moviéndose estadísticamente hacia lugares más óptimos en el espacio de búsqueda. Se basan en una búsqueda inteligente de un espacio solución grande pero finito mediante métodos estadísticos. Los algoritmos no requieren calcular derivadas de la función de costo y pueden por tanto ocuparse de variables discretas y funciones de costo no continuas.

Los Algoritmos Genéticos usan una analogía directa con el comportamiento natural. Trabajan con una población de individuos, cada uno de los cuales representa una solución factible a un problema dado. A cada individuo se le asigna un valor o puntuación, relacionado con lo acertada que haya sido dicha solución. En la naturaleza esto equivaldría al grado de efectividad de un organismo para competir por determinados recursos. Cuanto mayor sea la adaptación de un individuo al problema, mayor será la probabilidad de que el mismo sea seleccionado para reproducirse, cruzando su material genético con otro individuo seleccionado de igual forma. Este cruce producirá nuevos individuos, descendientes de los anteriores, los cuales comparten algunas de las características de sus padres. Cuanto menor sea la adaptación de un individuo, menor será la probabilidad de que dicho individuo sea seleccionado para la reproducción, y por tanto de que su material genético se propague en sucesivas generaciones.

De esta manera se produce una nueva población de posibles soluciones, la cual reemplaza a la anterior y verifica la interesante propiedad de que contiene una mayor proporción de buenas características en comparación con la población anterior. Así a lo largo de las generaciones las buenas características

se propagan a través de la población. Favoreciendo el cruce de los individuos mejor adaptados, van siendo exploradas las áreas más prometedoras del espacio de búsqueda. Si el Algoritmo Genético ha sido bien diseñado, la población convergerá hacia una solución óptima del problema.

7.1. SELECCIÓN NATURAL

En esta sección se presenta la actual comprensión científica del proceso de selección natural con el fin de obtener una visión de la construcción, aplicación y terminología de los algoritmos genéticos. La selección natural se discute en muchos textos y tratados. Mucha de la información aquí resumida es de Curtis (1975) y Grant (1985).

Al observar el mundo natural, podemos hacer varias generalizaciones que determinan nuestro entendimiento de sus orígenes y funcionamiento. En primer lugar, hay una gran diversidad de organismos. En segundo lugar, es sorprendente el grado de complejidad de los organismos. En tercer lugar, muchas de las características de estos organismos tienen una utilidad evidente.

En la naturaleza los individuos de una población compiten entre sí en la búsqueda de recursos tales como comida, agua y refugio. Incluso los miembros de una misma especie compiten a menudo en la búsqueda de un compañero. Aquellos individuos que tienen más éxito en sobrevivir y en atraer compañeros tienen mayor probabilidad de generar un gran número de descendientes. Por el contrario, individuos poco dotados producirán un menor número de descendientes. Esto significa que los genes de los individuos mejor adaptados se propagarán en sucesivas generaciones hacia un número de individuos creciente. La combinación de buenas características provenientes de diferentes ancestros, puede a veces producir descendientes de “elite”, cuya adaptación es mucho mayor que la de cualquiera de sus ancestros. De esta manera, las especies evolucionan logrando unas características cada vez mejor adaptadas al entorno en el que viven.

Para comenzar a entender la forma en que se pobló el espacio natural donde las especies habitan es importante estudiar los dos componentes de la selección natural: genética y evolución. Los biólogos modernos sostienen lo que se conoce como la **teoría sintética de la selección natural**: una síntesis de la genética con la evolución. Hay dos divisiones principales de escala en esta teoría evolutiva sintética: **macroevolución**, que implica el proceso de división de los organismos en grandes grupos y **microevolución**, que aborda el proceso dentro de poblaciones específicas. En el presente análisis vamos a tratar únicamente con microevolución y considerar que la macroevolución se encuentra más allá de nuestro alcance.

7.1.1.GENÉTICA

En primer lugar, necesitamos un poco de antecedentes sobre la **herencia** en un nivel celular. Un **gen** es la unidad básica de la herencia. Los genes de un organismo se ubican en uno del par de **cromosomas** (Imagen 63) bajo la forma de **ácido desoxirribonucleico (ADN)**. El ADN presenta una forma de doble hélice y cuenta con un sistema simbólico de secuencias de pares de bases nitrogenadas que determinan la síntesis de enzimas y otras proteínas en el organismo. Esta secuencia no varía y se conoce como el código genético del organismo. Cada célula del organismo contiene el mismo número de cromosomas y el número de cromosomas para cada célula del cuerpo varía en cada especie.

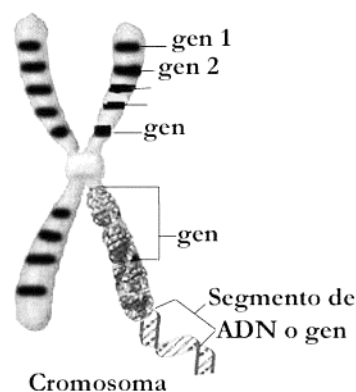


Imagen 63: Representación de un cromosoma.

Los genes a menudo se presentan con dos formas funcionales, cada una representando una característica diferente. Cada una de estas formas se conoce como un **alelo**. Por ejemplo, un ser humano puede llevar un alelo para ojos marrones y otro para ojos azules. La combinación de alelos en los cromosomas determina los rasgos de la persona. A menudo un alelo es dominante y el otro recesivo, de modo que el alelo dominante es lo que se manifiesta en el organismo, aunque el recesivo puede todavía transmitirse a su descendencia. Si el alelo para ojos marrones es dominante, el organismo tendrá ojos marrones. Sin embargo, todavía puede pasar el alelo azul a su descendencia. Si el segundo alelo del otro padre también es de ojos azules, el niño tendrá ojos azules.

El estudio de la genética comenzó con los experimentos de Gregor Mendel. Nacido en 1822, Mendel asistió a la Universidad de Viena, donde estudió biología y matemáticas. Después de fallar sus exámenes, se convirtió en un monje. Fue en el jardín del monasterio donde él realizó sus experimentos con la famosa planta de guisantes. Mendel revolucionó la experimentación mediante la aplicación de las matemáticas y la estadística para analizar y predecir sus resultados. Mediante sus hipótesis y una cuidadosa planificación de los experimentos, fue capaz de entender los conceptos básicos de la

herencia genética por primera vez, publicando sus resultados en 1865. Como sucede con muchos descubrimientos brillantes, sus hallazgos no fueron apreciados en su tiempo.

Los experimentos de Mendel usando la planta de guisante fueron determinantes para delinear cómo los rasgos se pasan de una generación a otra. Una de las razones por la cual los experimentos de Mendel fueron tan exitosos es que las plantas de guisantes son normalmente autopolinizantes y rara vez ocurre polinización cruzada sin intervención. La autopolinización se evita fácilmente. Otra razón del éxito de los experimentos de Mendel fue el hecho de que éste pasó varios años antes de la experimentación real documentando las características heredables y cuáles eran fácilmente separables y de raza pura. Esto le permitió hibridizar sus plantas y observar las características de la descendencia y de la próxima generación. Observando cuidadosamente la distribución de rasgos pudo hipotetizar su primera ley: **el principio de la segregación**; es decir, que debe haber factores que se heredan en pares, uno de cada padre (Imagen 64).

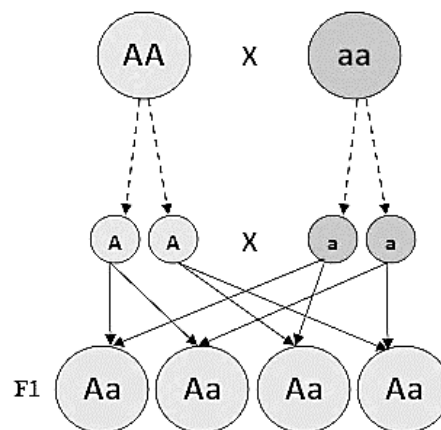


Imagen 64: Primera ley de Mendel.

Estos factores son de hecho los genes y sus diversas realizaciones son los alelos. Cuando ambos alelos de un par de genes son iguales, son **homocigóticos**. Cuando son diferentes, son **heterocigotos**. El alelo marrón-azul para el color de los ojos de un padre era heterocigótico, mientras que la combinación azul-azul de la descendencia es homocigótica. El rasgo que realmente se manifiesta es el **fenotipo**, pero la combinación real de alelos es el **genotipo**. Aunque el organismo de los padres tenía un fenotipo de color de ojo marrón-azul, su genotipo es para ojos marrones (la forma dominante). El genotipo debe inferirse tanto de los porcentajes de fenotipo de la generación sucesiva, como de los porcentajes de los propios padres. Puesto que la descendencia tenía ojos azules, podemos inferir que cada padre tenía un alelo azul para pasarlo a su descendencia, a pesar de que el fenotipo de cada padre era de ojos marrones. Por lo tanto, puesto que la descendencia es homocigótica, y lleva dos alelos para ojos azules, ambos padres deben ser heterocigóticos, y deben tener un alelo marrón y uno azul.

La segunda ley de Mendel (Imagen 65) es la de la **independencia de los caracteres hereditarios**. Este principio establece que la herencia del alelo para un rasgo es independiente del otro. El color de los ojos es irrelevante al determinar el tamaño de un individuo.

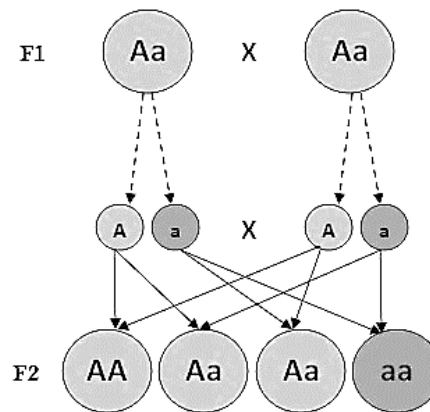


Imagen 65: Segunda ley de Mendel.

Para entender cómo los genes se combinan en fenotipos, es útil entender algunos conceptos básicos de la **división celular**. La reproducción en organismos muy simples y unicelulares se produce por división celular conocida como **mitosis**. Durante las fases de la mitosis, el material de cromosoma es exactamente copiado y pasa a la descendencia. En estos organismos simples las células hijas son idénticas a los padres. Hay poca oportunidad para la evolución de dichos organismos. A menos que ocurra una mutación, la especie se propaga sin cambios. Organismos superiores han desarrollado un método más eficiente de transmitir los rasgos a su descendencia, denominado **reproducción sexual**.

El proceso de división celular que ocurre después es llamado **meiosis**. El gameto o célula reproductora, tiene la mitad del número de cromosomas que tienen las otras células del cuerpo. Así se dice que las células de gametos son **haploides**, mientras que las células del cuerpo son **diploides**. Sólo las células diploides del cuerpo contienen el código genético completo. El número diploide de cromosomas se reduce a la mitad para formar el número haploide de los gametos. En preparación para la meiosis, las células de gametos se duplican. Luego los gametos de la madre se unen a los gametos del padre (el proceso involucrado no se discute aquí). Se disponen en pares de homólogos; es decir, cada cromosoma coincide con uno de la misma longitud y forma. A medida que se agrupan, se unen en el **cinetocoro**, un punto al azar en este par de cromosomas emparejados (o más bien tétrada en la mayoría de los casos).

A medida que progresa la meiosis, los cinetocoros se dividen para que una porción izquierda del cromosoma de la madre se articule con la parte derecha del padre y visa versa para las otras porciones.

Este proceso se conoce como **crossing-over**. La célula resultante tiene el número completo de cromosomas diploides. A través de este cruzamiento, el material genético de la madre y el padre se ha combinado de manera de producir un descendiente individual único. Este proceso es el que permite cambios en las especies.

7.1.2. EVOLUCIÓN

Ahora pasamos a discutir el segundo componente de la selección natural, **la evolución** y uno de sus primeros defensores, fue Charles Darwin. Darwin había refinado sus ideas durante su viaje como naturalista en el Beagle, especialmente durante sus visitas a las Islas Galápagos. La teoría de Darwin de la evolución se basa en cuatro premisas principales. En primer lugar, un descendiente tiene muchas de las características de sus padres. Esta premisa implica que la población es estable. En segundo lugar, existen variaciones en las características entre individuos que pueden pasarse de una generación a la siguiente. La tercera premisa es que sólo un pequeño porcentaje de la descendencia producida sobrevive hasta la edad adulta. Por último, cuál de la descendencia es la que sobrevive depende de las características heredadas. Estas premisas se combinan para producir la teoría de la selección natural. En la teoría evolucionista moderna una comprensión de la genética añade peso a la explicación de las etapas de la selección natural.

Al conjunto de seres vivos de la misma especie que habitan en un lugar determinado se lo llama población. En condiciones estáticas se definen las características de la población por la ley de Hardy-Weinberg. Este principio establece que la frecuencia alélica no cambiará dentro de una población de consanguinidad si no hay perturbaciones. Así, aunque los individuos muestran gran variedad, las estadísticas de la población siguen siendo las mismas. Sin embargo, sabemos que pocas poblaciones son estáticas por mucho tiempo. Cuando la población no es estática, la proporción de frecuencias alélicas no es constante entre las generaciones y la evolución ocurre.

Este proceso dinámico requiere de fuerzas externas. Estas pueden agruparse en cuatro tipos específicos:

- Las mutaciones pueden ocurrir; es decir, se produce un cambio al azar en las características de un gen. Este cambio puede pasar a la descendencia. Las mutaciones pueden ser espontáneas o debido a factores externos como la exposición a factores ambientales.
- El Flujo de genes puede resultar de la introducción de nuevos organismos en la población original.
- La deriva genética puede ocurrir solamente debido al azar. En poblaciones pequeñas ciertos alelos pueden eliminarse algunas veces en las combinaciones aleatorias.

- La selección Natural funciona para elegir a los individuos más aptos para la reproducción de más. En este proceso ciertos alelos pueden producir que un individuo este más preparado para hacer frente a su entorno.

Así vemos cómo los genes se combinan y cruzan para producir a nuevos individuos con combinaciones de rasgos y cómo la dinámica de una población grande interactúa para seleccionar ciertos rasgos. Estos factores pueden, en nuestra analogía, mover a la descendencia hacia un pico o hacia un valle. Si va demasiado dentro del valle, puede que no sobreviva y sean otros los mejor adaptados. Después de un largo periodo de tiempo el conjunto de organismos se adapta a su entorno. Sin embargo, el ambiente es dinámico. Los depredadores y presas, así como factores como el clima y la agitación geológica, están cambiando constantemente. Estos cambios actúan para revisar la ecuación de optimización. Eso es lo que hace que la vida, y los algoritmos genéticos, sean interesantes.

7.2. ALGORITMOS GENÉTICOS

Los Algoritmos genéticos (GA) (Imagen 66) son un método adaptativo de optimización heurístico capaz de encontrar el mínimo local en funciones con muchas variables. Es una técnica de optimización y búsqueda basada en los principios de genética y selección natural (92). Un GA permite a una población conformada por muchos individuos evolucionar bajo las reglas de selección para un estado que maximiza la "aptitud" (es decir, minimiza la función de coste). Los principios básicos de los Algoritmos Genéticos fueron establecidos por John Holland (1975) en el transcurso de la década de 1960 y 1970 y finalmente popularizado por uno de sus alumnos, David Goldberg, quien fue capaz de resolver un problema difícil en el control de la transmisión de una tubería de gas para su tesis doctoral (Goldberg, 1989). En la actualidad se encuentran bien descritos en varios textos (93) (94) (95) (96).

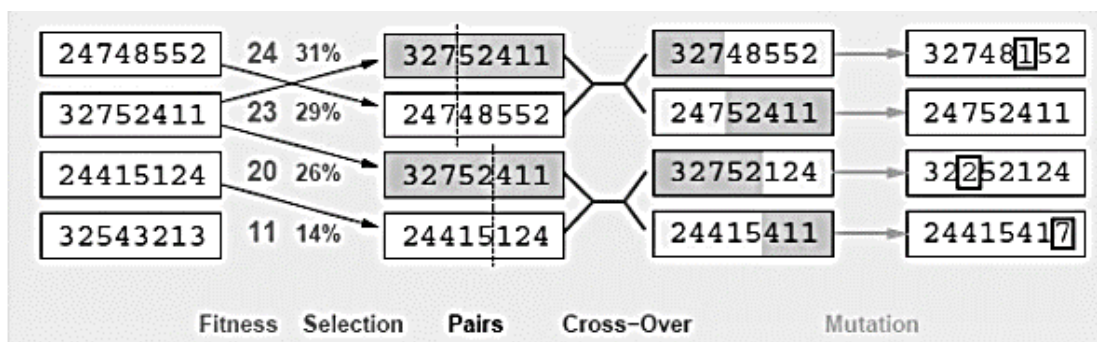


Imagen 66: Esquema de todas las etapas de los Algoritmos Genéticos.

Como ya se explicó, los algoritmos genéticos son métodos de adaptación que pueden ser utilizados para implementar búsquedas y solucionar problemas de optimización. Si un problema es factible de ser representado por un conjunto de parámetros (conocidos como **genes**), éstos pueden ser unidos

para formar una cadena de valores (**cromosoma**). El cromosoma es definido como el conjunto de variables a ser optimizada para minimizar una función dada, llamada función coste (**función fitness**). En cada iteración (**generación**) del método, la población de cromosomas N se combina (**crossover**) y se modifica (**mutación**) para generar una nueva población con N individuos nuevos (**cromosomas**). Las mutaciones y crossovers, así como la generación de nueva población, se pueden hacer con diferentes métodos, dependiendo del tipo de cromosoma utilizado (binario, entero, punto flotante, etcétera) y dependiendo del tipo de evaluación que se realice. Estas iteraciones continúan (**evolución**) hasta que se alcanza un criterio de finalización dado, que puede ser el número máximo de generaciones, cuando cierto valor presente convergencia, etcétera.

Los principales elementos de un algoritmo genético son:

- **Esquema de codificación:** o sea, la manera en que se representa una posible solución al problema.
- **Función de evaluación:** que indica si un individuo es apto para resolver el problema planteado.
- **Tres operadores básicos:** reproducción, cruce y mutación.
- **Parámetros que controlan el desempeño del algoritmo genético:** probabilidad de cruce, probabilidad de mutación, tamaño de la población, número de generaciones, etc.

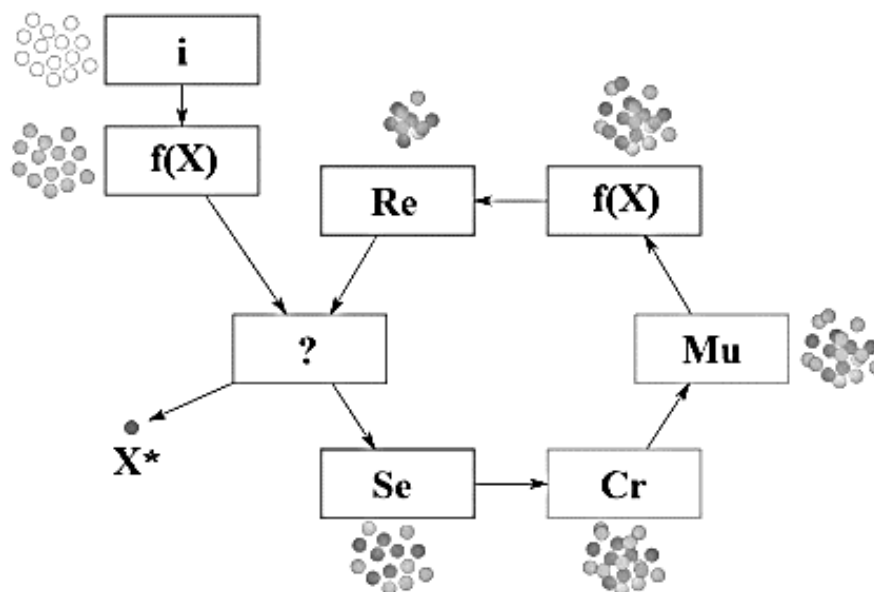


Imagen 67: Pasos a seguir para generar un algoritmo genético.

Los pasos a seguir para generar un algoritmo genético (Imagen 67), son:

- Generar la población inicial [i].
- Evaluar [f(X)] la adaptación de todos los individuos en la población.
- Crear una nueva población efectuando operaciones como selección [Se], cruce [Cr] y mutaciones [Mu] en los individuos en la que ésta acaba de ser medida.
- Reemplazar [Re] la antigua población.
- Iterar utilizando la nueva población, hasta que la misma converja.

Esta implementación vista en forma de pseudocódigo sería:

```
generar población inicial, G(0);  
evaluar G(0);  
t:=0;  
repetir  
t:=t+1;  
generar G(t) usando G(t-1);  
evaluar G(t);  
hasta encontrar una solución;
```

Cada iteración de este bucle es conocida como **generación**. La primera de este proceso es una población de individuos generados al azar. Desde ese punto, los operadores genéticos, unidos a la medida de adaptación, actúan para mejorar la población.

7.2.1.GENERACIÓN DE LA POBLACIÓN INICIAL

La primera tarea del algoritmo genético es crear una población inicial de cadenas. Existen diversas formas de seleccionar una población inicial. Las técnicas varían desde seleccionar aleatoriamente cada carácter de una cadena hasta modificar el resultado de una búsqueda hecha previamente por el hombre.

La manera más simple de generar la población inicial es seleccionar cada carácter de la cadena de forma totalmente aleatoria hasta completar toda la población. En caso de que el alfabeto sea binario, la probabilidad de que cada bit sea 1 es 50%.

La composición de la población inicial puede afectar dramáticamente el comportamiento del algoritmo genético.

La población debe ser lo suficientemente larga como para crear un diverso grupo de individuos con el fin de que el algoritmo genético lo explore, pero no tanto como para que no domine el tiempo de la computadora.

7.2.2.ESQUEMA DE CODIFICACIÓN

Si un problema es factible de ser representado por un conjunto de parámetros (conocidos como genes), éstos pueden ser unidos para formar una cadena de valores (cromosoma), a este proceso se le llama codificación. Tal como vimos, ese conjunto representado por un cromosoma en particular es referido como genotipo. Este contiene la información necesaria para construir un organismo conocido como fenotipo. Por ejemplo, si se desea diseñar un puente, el conjunto de parámetros que especifica el diseño será el genotipo, mientras que la construcción final es el fenotipo. La adaptación de cada individuo depende de su fenotipo, el cual es posible inferir de su genotipo, es decir, puede calcularse desde el cromosoma si se utiliza la función de evaluación.

7.2.3.FUNCIÓN DE EVALUACIÓN

Dado un cromosoma, la función de evaluación consiste en asignarle un valor numérico de adaptación, el cual será proporcional a la utilidad o habilidad del individuo representado. En muchos casos, el desarrollo de una función de evaluación involucra hacer una simulación, en otros, la función puede estar basada en el rendimiento y representar sólo una evaluación parcial del problema. Adicionalmente debe ser rápida, ya que hay que aplicarla para cada individuo de cada población en las sucesivas generaciones, por lo cual, gran parte del tiempo de corrida de un algoritmo genético se emplea en la función de evaluación.

Otra característica que debe tener esta función es la de castigar las malas soluciones y premiar las buenas, de forma que sean estas últimas las que se propaguen con mayor rapidez.

7.2.4.SELECCIÓN/REPRODUCCIÓN

Este es el proceso mediante el cual un individuo (cromosoma) es copiado proporcionalmente a su evaluación (fuerza), formando un conjunto intermedio de individuos. Tal conjunto intermedio se convierte tentativamente en una nueva población a la cual se le aplicarán los otros operadores genéticos. Copiar individuos de acuerdo con su fuerza significa que los de más alta evaluación poseen mayor probabilidad de tener una o más copias en la siguiente generación. Este operador está inspirado en la teoría de la selección natural darwiniana. En la Naturaleza, la fuerza de un individuo es medida por su capacidad de sobrevivir en un cierto medio ambiente.

Existen dos formas fundamentales de realizar el procedimiento de selección/reproducción: ruleta y torneo estocástico.

- RULETA

Este método consiste en crear una ruleta en la que cada cromosoma tiene asignada una fracción proporcional a su aptitud. Esta se gira tantas veces como individuos tenga la población para determinar cuáles serán seleccionados. Debido a que a los individuos más aptos se les asignó un área mayor de la ruleta, se espera que sean seleccionados más veces que los menos aptos.

- TORNEO ESTOCÁSTICO

Usado por Holland consiste en barajar la población y hacer competir los cromosomas que la integran en grupos de tamaño predefinido (normalmente compiten en parejas) en un torneo del que resultarán ganadores aquellos que tengan valores de aptitud más altos.

Nótese que esta técnica garantiza la obtención de múltiples reproducciones del mejor individuo entre los progenitores de la siguiente generación. Si se efectúa un torneo entre dos individuos, el mejor será duplicado en el conjunto intermedio. Por otra parte, si se compite en tríos se realizarán tres copias y así sucesivamente.

7.2.5.FORMAS DE TRABAJO DE LOS ALGORITMOS GENÉTICOS

Existen varias formas de trabajo de los algoritmos genéticos, cada una basada en una metáfora distinta de la Naturaleza.

- ALGORITMOS GENÉTICOS GENERACIONALES

Es semejante a la forma de reproducción de los insectos. En la que una generación pone huevos, se aleja geográficamente o muere y es sustituida por una nueva. En tal modelo se realizan cruces en una piscina de individuos, los descendientes son colocados en otra. Al final de la fase reproductiva se elimina la generación anterior y se utiliza la nueva. Este modelo también es conocido como algoritmo genético canónico.

- ALGORITMOS GENÉTICOS DE ESTADO FIJO

Utilizan el esquema generacional de los mamíferos y otros animales de vida larga, en el cual coexisten padres y sus descendientes, lo que permite que los hijos sean educados por sus progenitores, pero también que a la larga se genere competencia entre ellos.

En este modelo, no sólo se deben seleccionar los dos individuos padres, sino también cuáles de la población anterior serán eliminados, para dar espacio a los descendientes.

▪ ALGORITMOS GENÉTICOS PARALELOS

Parte de la metáfora biológica que motivó a utilizar la búsqueda genética consiste en que es inherentemente paralela, ya que al evolucionar se recorren de forma simultánea muchas soluciones, cada una representada por un individuo de la población. Sin embargo, es muy común en la Naturaleza que no sólo exista una población evolucionando, sino varias, normalmente aisladas de forma geográfica, que originan respuestas diferentes a la presión evolutiva. Esto trae consigo dos modelos que tienen en cuenta tal variación y utilizan no una población como los anteriores, sino múltiples concurrentemente.

- **Modelos de Islas:** Si se tiene una población de individuos, ésta se divide en subpoblaciones que evolucionan independientemente como un algoritmo genético normal. En ocasiones, ocurren migraciones entre ellas, lo que les permite intercambiar material genético. Con la migración, este modelo puede explotar las diferencias en las subpoblaciones. Tal variación representa una fuente de diversidad genética. Sin embargo, si un gran número de individuos emigran en cada generación, ocurre una mezcla global y se eliminan las diferencias locales. Si la migración no es frecuente, es probable que se produzca convergencia prematura en las subpoblaciones.
- **Modelo Celular:** Coloca cada individuo en una matriz, donde cada uno sólo podrá buscar reproducirse con los otros que tenga a su alrededor (más cerca de casa) por lo que escoge al azar o al mejor adaptado. El descendiente pasará a ocupar una posición cercana. No hay islas en este modelo, pero hay efectos potenciales similares. Si se asume que el cruce está restringido a individuos adyacentes, dos de ellos separados por 20 espacios estarán tan separados como si estuvieran en dos islas. Esta forma se conoce como aislamiento por distancia.

7.2.6. CRUCE (CROSS-OVER)

El cruce se lleva a cabo sobre el conjunto intermedio generado por la reproducción. Primero se selecciona aleatoriamente una pareja de individuos para ser cruzados (Imagen 68). Después, con el uso de la teoría de las probabilidades se determina si habrá cruce entre los dos individuos seleccionados o no. En caso afirmativo se alinean ambos individuos y se elige aleatoriamente una posición K entre 1 y $Lc - 1$ (Lc es la longitud del cromosoma), en la cual se hará el cruce. Dos nuevos individuos serán creados intercambiando la información de los padres entre la posición $K + 1$ y la posición Lc incluso. Esto es conocido como cruce en un punto.

Cuando se usan 2 puntos de cruce, se procede de manera similar, pero en este caso el intercambio se realiza en la forma mostrada en la Imagen 69.

Normalmente el cruce se maneja dentro de la implementación del algoritmo genético con un porcentaje que indica con qué frecuencia se efectuará. Esto significa que no todas las parejas de cromosomas se cruzarán, sino que habrá algunas que pasarán intactas a la siguiente generación. Existe una técnica, llamada elitismo, en la que el individuo más apto a lo largo de las distintas generaciones no se cruza con nadie y se mantiene intacto hasta que surge otro mejor que lo desplazará.

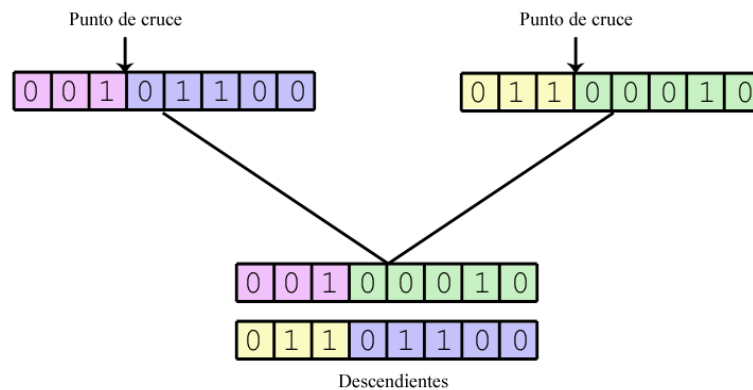


Imagen 68: Uso de un solo punto de cruce entre 2 individuos. Observe que cada pareja de cromosomas origina 2 descendientes para la siguiente generación.

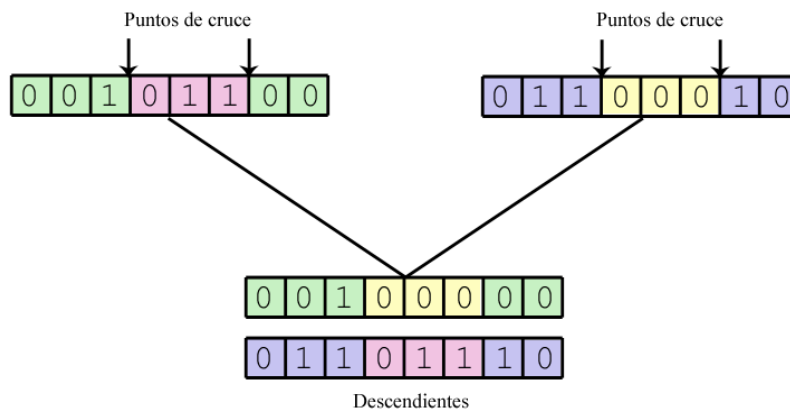


Imagen 69: Uso de 2 puntos de cruce entre 2 individuos. Nótese cómo en este caso se mantienen los genes de los extremos y se intercambian los del centro.

La mutación es aplicada a cada descendiente individualmente luego de cada cruce. Esta altera cada uno de los genes del cromosoma al azar, con una probabilidad pequeña. Cuando se usa una representación binaria, un bit se sustituye por su complemento (un cero se cambia por un uno y viceversa) (Imagen 70). Este operador permite la introducción de nuevo material cromosómico en la población, tal y como sucede con sus equivalentes biológicos. Al igual que el cruce, la mutación se maneja como un porcentaje que indica con qué frecuencia se efectuará, aunque se distingue de la primera por ocurrir mucho más esporádicamente (el porcentaje de cruce, normalmente es de más de

60%, mientras que el de mutación es frecuente que no supere el 5%). Este bajo por ciento en la probabilidad de mutación evita oscilaciones en el promedio de los valores objetivos de la población. Existen dos formas de implementar una mutación: con probabilidad fija o el uso de una probabilidad variable que cambia de acuerdo con las características de la población.

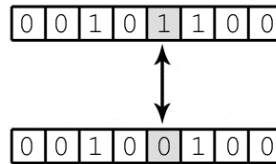


Imagen 70: Mutación. La mutación se realiza en el tercer bit de la cadena.

Por medio de la selección/reproducción el algoritmo genético selecciona dentro de la población a los mejores individuos y crea reproducciones de ellos en proporción a su aptitud para solucionar el problema planteado. Mediante el cruce, estas “copias” se combinan entre sí para crear nuevas soluciones, las cuales se espera sean mejores a las anteriores. La mutación busca mejorar aún más las soluciones creadas con los dos operadores anteriores. Se puede decir entonces que los algoritmos genéticos utilizan soluciones que por su evaluación han demostrado ser buenas para combinarlas y producir otras todavía mejores.

7.2.7. TERMINACIÓN DEL PROCESAMIENTO

Como se ha visto, durante la ejecución de un algoritmo genético, el promedio de la población aumenta su calidad en la medida que transcurren generaciones, por lo que es de esperar que el programa termine su ejecución cuando una de las cadenas en la población resuelva el problema de forma óptima.

Esto trae a la luz una pregunta: Si la mejor solución es desconocida, ¿cómo puede el programa saber si ha encontrado la mejor respuesta, o al menos una de las mejores? Una forma podría ser hallar una solución que cumpla un requerimiento mínimo. Otra sería correr el programa hasta que las mejoras introducidas por las nuevas soluciones no merezcan todo el tiempo invertido en encontrarlas.

CAPÍTULO 3: DESARROLLO

Resumiendo muy brevemente lo expuesto en parte del marco teórico, podemos decir que el sistema nervioso excita al sistema muscular, y esta estimulación se manifiesta en las señales de EMG. La excitación del sistema muscular provoca el desarrollo de fuerzas, las cuales se relacionan con los pares producidos en las articulaciones por una yuxtaposición del músculo con la articulación. Los pares causan aceleraciones angulares de las articulaciones, las cuales al tiempo provocan que cambien las velocidades angulares y los ángulos de las articulaciones. Utilizando un modelo de la unión entre músculo y tendón, la velocidad y el largo del conjunto músculo-tendón (L_{CE}) pueden ser calculados a través de los ángulos y velocidades de las uniones analizando la geometría músculo-esquelética. Es por esto, que el modelo va a tener actividad proveniente del EMG, ángulo de uniones (θ), y velocidades de las uniones ($\dot{\theta}$) como entradas, y fuerzas como salida (Imagen 71).

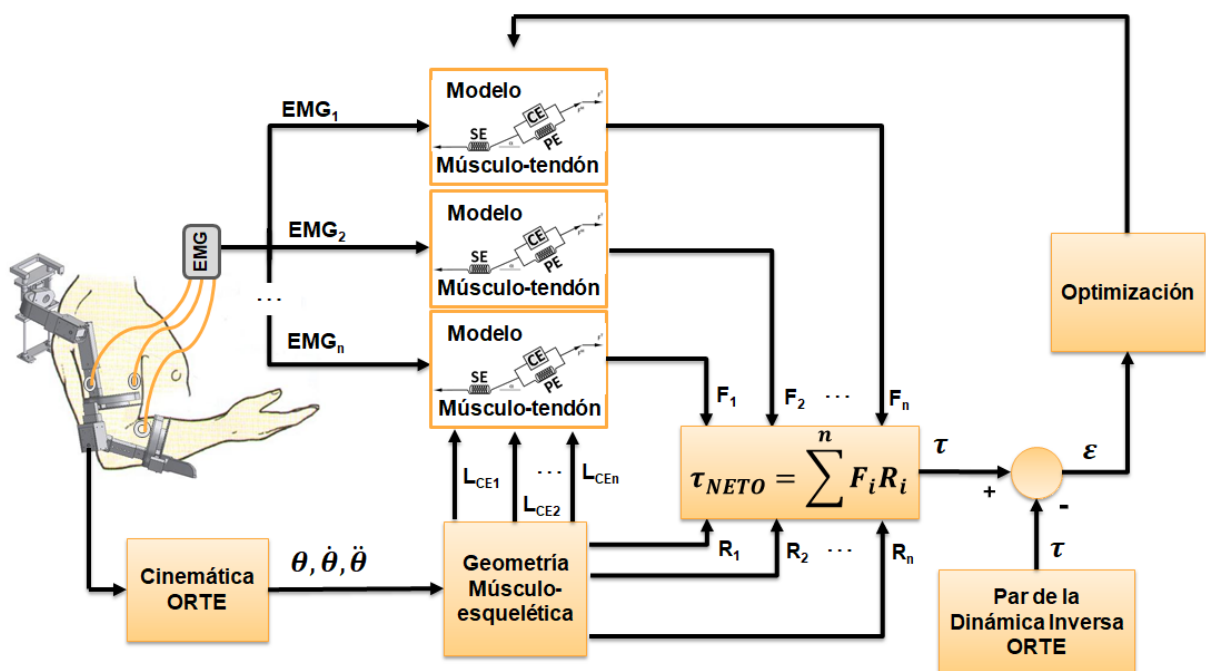


Imagen 71: Esquema donde se resume el modelo propuesto y se observa la etapa de optimización con la cual se concluye el presente trabajo.

En nuestro caso particular las posiciones y aceleraciones angulares son obtenidas a través del dispositivo ORTE®, mientras que las señales de EMG se obtienen a través del dispositivo QUATTRO®. Luego de utilizar aquellas para estimar la variación longitudinal del músculo (L_{CEi}) y la distancia vectorial (R_i) a la que se encuentra el músculo respecto de la articulación, y luego de procesar convenientemente las señales de EMG, se puede estimar, utilizando el modelo que este trabajo propone, el aporte de cada músculo analizado al par neto desarrollado en la articulación de interés. Finalmente, y con el fin de optimizar el valor obtenido mediante la técnica de algoritmos genéticos, se

determinará una función costo en donde se obtendrá el error entre el par estimado por el modelo y el par que se obtiene por medio de la simulación del exoesqueleto, a través de sus ecuaciones dinámicas.

1. PROTOCOLO EXPERIMENTAL

En esta sección se presenta una caracterización de los sujetos, el protocolo experimental para la adquisición de datos, adjuntándose imágenes de los ensayos.

Se realizó una serie de sesiones experimentales con varios sujetos sanos los cuales repitieron ejecuciones del movimiento analítico de flexión/extensión del codo utilizando el exoesqueleto ORTE®, el cual permite medir la posición angular, mientras se registra de forma simultánea la actividad EMG.

El resultado esperado de esta experimentación es la validación de nuestra estimación de par a lo largo de la trayectoria tras la optimización de parámetros, por comparación con los pares obtenidos mediante las ecuaciones dinámicas de ORTE®.

1.1. SUJETOS

Los experimentos se han realizado con trece sujetos, ocho varones y cinco mujeres, diestros y sanos que se ofrecieron voluntariamente para el estudio. La edad de los sujetos se encuentra comprendida entre los 21 y 42 años de edad (27 años de media), y un peso y altura media de 71 ± 18 kg y $1,72 \pm 0,10$ m respectivamente. Cabe remarcar que en esta etapa del proyecto solo interesó analizar los datos de pacientes sanos, dejando para una instancia posterior el análisis de datos de pacientes patológicos.

A cada voluntario se le hizo firmar un documento de consentimiento informado (anexo A) y se le explicó el movimiento que debía realizar. Se le colocaron electrodos siguiendo la normativa SENIAM, explicada en el capítulo anterior, para la correcta colocación de los sensores. Adicional a ese documento, para el proceso de toma de datos se establecen una serie de pasos en donde se especifica el orden de las acciones a llevarse a cabo (anexo B).

La caracterización de los sujetos se lleva a cabo mediante un código de identificación y un análisis antropométrico. Debido a la gran cantidad de datos registrados para cada voluntario, es que se acordó un sistema de codificación identificadorio para cada uno de ellos. De este modo se pueden asociar señales manteniendo la privacidad de los mismos.

Para la codificación se sigue una convención de tres partes (Imagen 72). La primera, consiste en una única letra que se corresponde con el sexo del voluntario (F: femenino, M: masculino); la siguiente parte representa la inicial del nombre de cada voluntario; mientras que la última parte numérica tiene correspondencia con la fecha de realización de la toma de muestras.

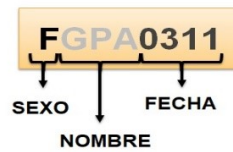


Imagen 72: Codificación propuesta para organizar las señales adquiridas a cada voluntario.

A su vez todas las señales registradas fueron guardadas siguiendo la misma estructura de incluir el código del voluntario, el tipo de movimiento realizado y el músculo que se registra.

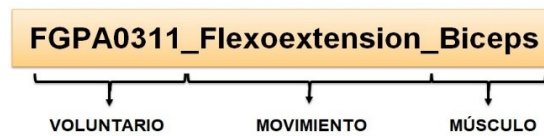


Imagen 73: Ejemplo de nombre de señal guardada siguiendo el sistema de codificación propuesto.

En lo que se refiere al análisis antropométrico, se siguió la recomendación de la Sociedad Internacional para el Avance de la Cineantropometría (ISAK) (97). Se registró la edad, y se realizó la medición de la altura y peso del voluntario. A fin de utilizar posteriormente los datos en las ecuaciones de la dinámica inversa de ORTE® se realizó la medición del largo y perímetro del brazo, antebrazo y mano, considerando a esta última sujetando a la carga con la que se realizó la experimentación (Anexo C). Finalmente se estimó el peso de los distintos segmentos del brazo a partir de (98) en donde se detalla el factor proporcional de cada segmento con respecto al peso corporal total, datos que se resumen en la Tabla 5.

Tabla 5: Factor proporcional de peso.

	brazo	antebrazo	mano
Femenino	0,0255	0,0138	0,0056
Masculino	0,0271	0,0162	0,0061

$$Peso_{TOTAL} * \text{factor proporcional} = \text{Peso del segmento del miembro superior}$$

[3]

1.2. EQUIPAMIENTO

Las señales de electromiografía se obtienen usando el sistema Quattro® de la empresa OT Bioelettronica y electrodos de superficies AG/AgCl de 3M, colocados en los músculos motores más representativos del movimiento: el bíceps, el tríceps y el braquiorradial.

Quattro® es un electromiógrafo diseñado para detectar señales de electromiografía de superficie (sEMG) de 4 músculos en simultáneos a partir de los músculos esqueléticos con el uso de los electrodos de superficie.

La información detectada de los electrodos se transfiere a un PC con una conexión por cable (USB) o con una conexión inalámbrica (Bluetooth) a demás trabaja con un software llamado OT BioLab para mostrar y procesar los datos. Este software forma parte del sistema Quattro®.

Controles, indicadores y conectores de Quattro® se muestran en la Imagen 74 y en la

Tabla 6 las especificaciones técnicas extraídas del manual de usuario del dispositivo.

Tabla 6: Especificaciones técnicas de Quattro®.

Modelo	Quattro®
Grados de Protección	IP32
Carcasa	Plástico
Alimentación	3,7 V batería, recargable
Tiempo de batería	8 horas (carga completa)
Números de canales	4
Variación	0 / 3,3 mvpp
Ancho de banda	15-500 Hz
Ruido de entrada	< 3 µVpp
Amplificación	150 v/v
Impedancia de entrada	>90 MΩ
CMRR	>96 dB
Variación de salida	0 / 3,3v
Transmisión Wireless	Bluetooth
Transmisión Wired	USB
Frecuencia de muestreo	1.024 Hz
Dimensiones	59 x 95 x 20 mm
Peso	90 gr

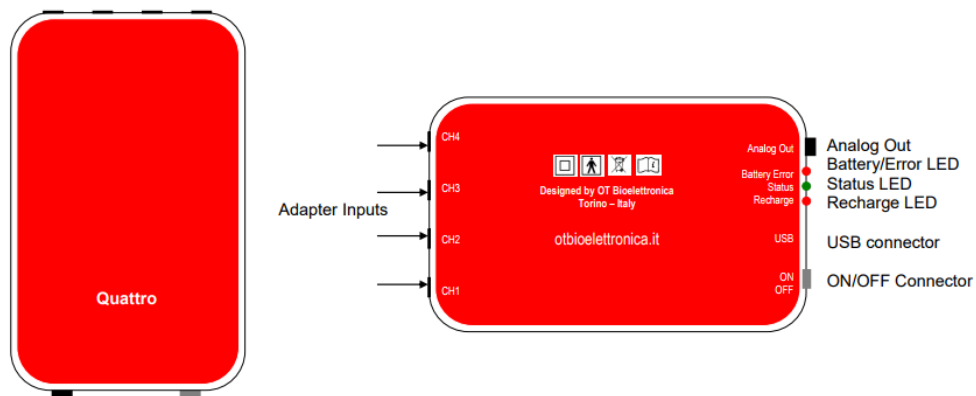


Imagen 74: Cara frontal (izquierda), cara posterior (derecha) de Quattro®.

1.3. ADQUISICIÓN DE DATOS

Siguiendo con las recomendaciones del SENIAM expuestas anteriormente (7), se procedió a preparar al paciente para la posterior adquisición de los datos de interés. Para esto se limpió la zona donde se iba a colocar el electrodo con alcohol y algodón con el fin de retirar la capa córnea más externa eliminando así su aporte capacitivo. Una vez hecho esto, se colocaron los electrodos y se fijaron los cables de los electrodos utilizando esparadrapo a unos diez centímetros del electrodo, para evitar artefactos en la señal a causa del movimiento.

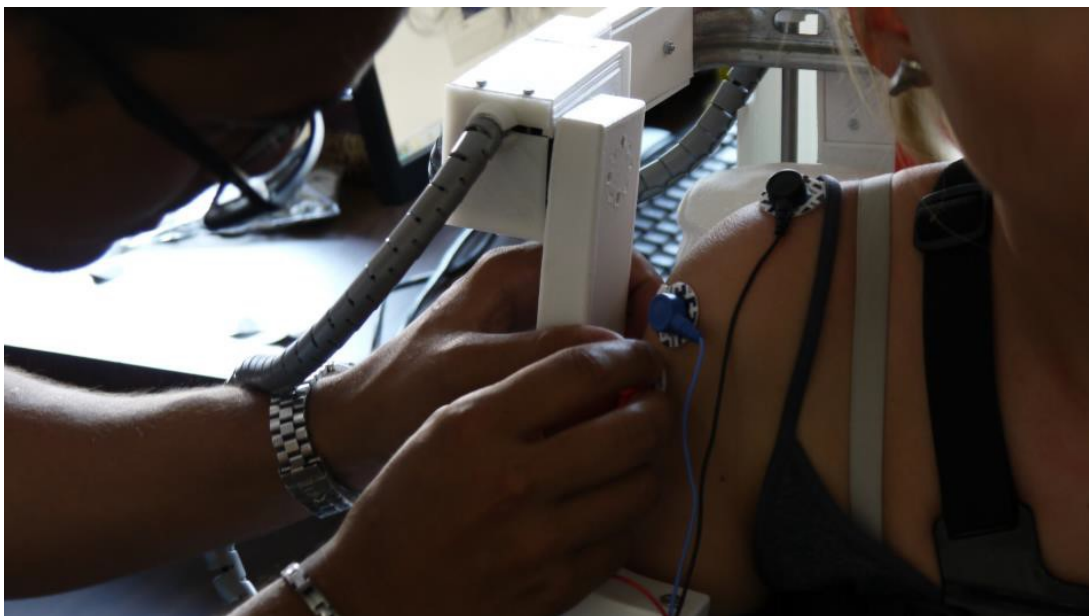


Imagen 75: Proceso de colocación de los electrodos en el brazo del paciente.

En la Imagen 75 se puede observar el proceso de colocación de los electrodos. Dado que el movimiento a analizar fue el de una flexoextensión de codo, se procedió a captar la señal proveniente del músculo

Braquiorradial, Bíceps, y Tríceps del brazo derecho del voluntario, músculos en los cuales se colocaron los electrodos tal como recomienda SENIAM (7).

El proceso de adquisición de datos se dividió en dos sesiones. En la primera, la cual fue denominada **“Sesión Dinámica en Condición Isotónica”**, se realizó la prueba controlada de interés en donde se obtiene la señal de EMG que se utilizará como nivel de activación muscular; mientras que en la segunda sesión, llamada **“Sesión de Máxima Contracción Voluntaria”**, se realizó el registro de la señal de EMG que se utilizó para normalizar la señal de la otra sesión.

1.3.1. SESIÓN DINÁMICA EN CONDICIÓN ISOTÓNICA

En el presente trabajo sólo se incluye una trayectoria definida de flexión/extensión de un solo grado de libertad que se ubica en la articulación del codo recorriendo un rango que va desde una posición inicial, es decir donde el sujeto se encuentra sentado con el codo totalmente extendido (0°), a una posición final donde el brazo se encuentra flexionado a 90° . Al brazo del sujeto se le coloca el exoesqueleto ORTE®, con el cual se realizará el registro de la posición angular (Imagen 76).



Imagen 76: Voluntario realizando la prueba. Se observa la carga de un kilogramo utilizada.

Cada movimiento se repite tres veces con una carga de un kilogramo, y comienza desde una posición inicial del brazo en la que se encontraba completamente extendido a lo largo del cuerpo.

1.3.2. SESIÓN DE MÁXIMA CONTRACCIÓN VOLUNTARIA (MCV)

La sesión de Máxima Contracción Voluntaria se sucedió para los diferentes grupos musculares de interés del miembro superior, de acuerdo con SENIAM (7). Tras un calentamiento previo de unos minutos, se solicitó al sujeto que incremente gradualmente la fuerza hasta alcanzar la máxima contracción, y que la mantenga durante tres segundos. Se realizaron tres repeticiones y un descanso entre cada serie de otros tres segundos. El organismo regulador recomienda alternar el registro de los grupos musculares para evitar la fatiga.

Tal como se comentó, este registro será luego utilizado para normalizar la señal ya que la actividad mioeléctrica alcanzada durante una contracción máxima informa sobre la población de unidades musculares funcionantes.

Dependiendo del músculo del cual se quería registrar la señal, se realizó un ejercicio distinto.

- Braquiorradial

Se sentó al voluntario con la espalda erguida y se procuró brindar un soporte estable para el antebrazo de modo tal que quede ubicado como se observa en la Imagen 77. Se utilizó resistencia manual para realizar una fuerza que iguale la máxima contracción voluntaria del paciente.



Imagen 77: Ejercicio propuesto para generar una máxima contracción voluntaria del músculo Braquiorradial.

- Bíceps

Para el desarrollo del registro de la MCV del Bíceps se colocó al voluntario sentado con su espalda erguida haciendo que su codo quede apoyado sobre una superficie estable, formando un ángulo de 90 grados entre el brazo y el tronco, tal como se puede observar en la Imagen 78. Se le solicitó al paciente que desarrolle la máxima fuerza contrarrestando la resistencia manual aplicada a la altura del puño (flecha negra en la imagen).



Imagen 78: Ejercicio propuesto para generar una máxima contracción voluntaria del músculo Bíceps.

- Triceps

Para el registro del Tríceps se realizó un ejercicio similar al Bíceps, colocando al paciente en la misma posición, pero realizando una fuerza contraria al anterior con el fin de registrar la máxima contracción voluntaria que puede realizar el tríceps del paciente (Imagen 79).



Imagen 79: Ejercicio propuesto para generar una máxima contracción voluntaria del músculo Tríceps.

2. ACONDICIONAMIENTO DE DATOS

En la siguiente sección se buscará resumir el proceso de preparación de las señales obtenidas para ser utilizadas luego en el modelo propuesto.

El acondicionamiento de datos comienza cargando todas las señales que fueron guardadas siguiendo la codificación de la sección anterior, al espacio de trabajo de la herramienta MATLAB® llamada "Workspace". Este espacio contiene las variables que se crean dentro o se importan al Software.

A continuación se crearon tres vectores con el fin de poder discriminar los distintos voluntarios, músculos y movimientos que fueron sensados. Para llevar esto a cabo se realiza un proceso de búsqueda en el Workspace mediante el uso de expresiones regulares, las cuales son patrones utilizados para encontrar una determinada combinación de caracteres dentro de una cadena de texto.

Se buscó mediante este método elegir de entre todas las señales guardadas en el workspace, únicamente aquellas que sean de EMG, ya que son las variables que tienen en su nombre los 3 elementos de codificación (`voluntario_musculo_movimiento`). A continuación se observa un código en MATLAB® con un ejemplo de búsqueda mediante expresiones regulares.

```
muestrasEMG = who('-
regexp', '^ [MF] (?!. *Pos) . * _ (?!. *norm) (?!. *ORTE@) (?!. *MCV) (?!. *RMS) ');
```

Se obtuvo un vector llamado `muestrasEMG` al seguir el criterio de seleccionar aquellas señales que empiecen con el primer carácter identificador de sexo, M o F (`^[MF]`); no sean una señal de ORTE® (`(?!.*ORTE@)`), es decir no sean una señal de Posición angular (`(?!.*Pos)`) o de velocidad angular (`(?!.*Vel)`); no sean una señal de EMG ya procesada, es decir aquellas señales normalizadas (`(?!.*norm)`) o filtradas (`(?!.*RMS)`); y no incluir aquellas señales de EMG que se utilizarán para calcular la MCV (`(?!.*MCV)`).

Se puede entonces formar los tres vectores:

`voluntarios`: Es el vector que va a contener la codificación de los 13 voluntarios que se realizaron las mediciones.

`músculos`: Es el vector que contiene los músculos que fueron sensados.

`movimiento`: Es el vector en donde quedan guardados los movimientos que realizaron los voluntarios durante la experiencia.

Estos vectores nos permiten elegir un conjunto de señales que luego serán procesadas al utilizarlos en alguno de los métodos de selección que el código dispone.

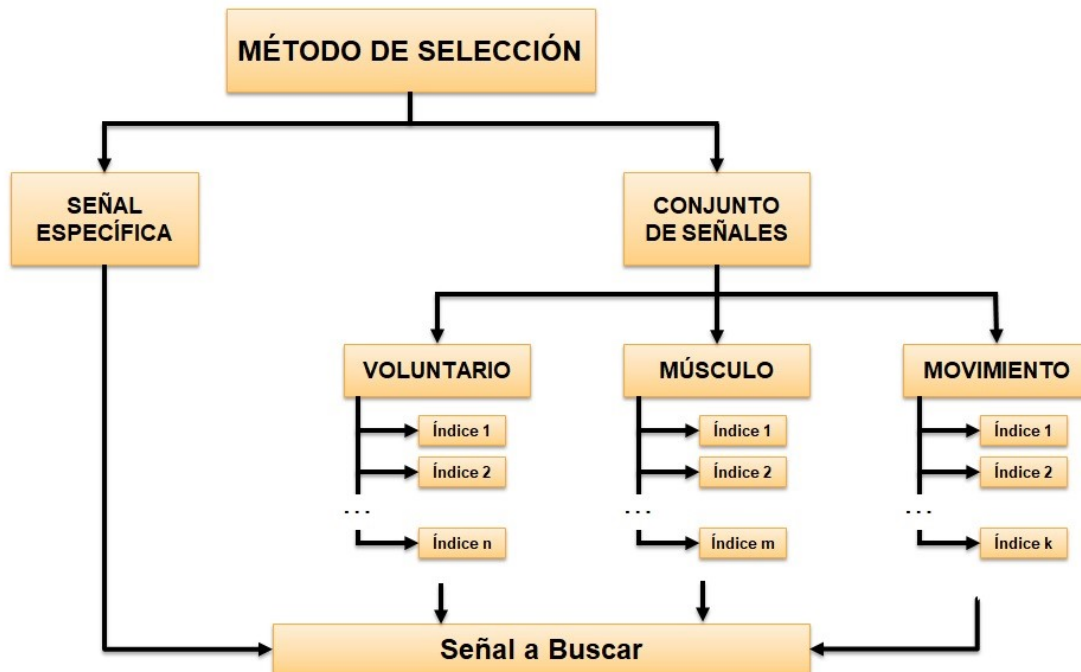


Imagen 80: Método de selección propuesto para elegir el conjunto de señales que se desea analizar.

El código propone dos métodos diferenciados de selección de datos para analizar (Ver Imagen 80). Se puede procesar una señal concreta, al indicar el nombre con el que fue guardada la señal de acuerdo a la codificación propuesta en la sección anterior; y también se puede procesar un conjunto de señales según si se desea elegir un voluntario en concreto, un músculo o un movimiento en particular. Para llevar a cabo esto último se utilizan los vectores que fueron formados en el paso anterior, y se elige un “índice”, es decir la posición del elemento dentro del vector, de entre los n voluntarios, m músculos o k movimientos.

Una vez que se tiene el nombre de la señal, o el nombre del conjunto de señales, que se desea analizar, se puede continuar con el procesamiento de las señales.

3. PROCESAMIENTO DE SEÑALES

La transformación de la señal de EMG a activación muscular no es trivial. En esta sección examinaremos los muchos pasos necesarios para realizar esta transformación. El propósito del procesamiento de la señal EMG es determinar el perfil de activación de cada músculo. Una señal de EMG RAW (expresión anglosajona para nombrar a señales que no han sido procesadas y se presentan tal como fueron registradas) es una serie de valores de voltaje tanto positivos como negativos, mientras que la activación muscular se expresa como un número entre 0 y 1, que se suaviza o se filtra para tener en cuenta la forma en que la EMG se relaciona con la fuerza. La primera tarea es procesar la señal EMG RAW en una forma que, después de una manipulación adicional, pueda usarse para estimar la activación muscular.

Como ya se explicó en el marco teórico, la electromiografía es la suma de los potenciales de acción de la unidad motora durante una contracción medida en una ubicación de electrodo dada. Estas señales son las señales biológicas más fáciles de medir, sin embargo son las más complejas de interpretar cuantitativamente. El nivel de voltaje que se obtiene de la señal electromiográfica de superficie depende fuertemente de varios factores que varían entre individuos y también a lo largo del tiempo dentro de un individuo. Por lo tanto, la amplitud de la señal de EMG en sí misma no es útil en las comparaciones grupales, ni para seguir eventos durante un largo período de tiempo. El hecho de que la amplitud de la electromiografía nunca sea absoluta se debe principalmente a que la impedancia entre las fibras musculares activas y los electrodos varía y su valor es desconocido. Por lo tanto, la amplitud de una señal sin procesar solo puede usarse para evaluar los cambios a corto plazo en la actividad de un solo músculo del mismo individuo cuando la configuración del electrodo no ha sido alterada. Para permitir la comparación de la actividad entre diferentes músculos, a lo largo del tiempo y entre individuos, la señal de EMG debe normalizarse, es decir, expresarse en relación con un valor de referencia obtenido durante condiciones estandarizadas y reproducibles.

Este proceso se puede dividir en dos etapas diferenciadas, tal como se explica en el marco teórico, que corresponden al procesamiento analógico realizado por el equipo de adquisición, y a una segunda etapa donde ocurre el procesado digital de los datos realizada a través del software MATLAB®.

Esta sección estará enfocada particularmente en esta última etapa donde se realizará una comparativa entre tres procesos de filtrado diferentes encontrados en la literatura.

3.1. PROCESAMIENTO ANALÓGICO

El procesamiento analógico de la señal de electromiografía es llevado a cabo por la unidad interna que viene incorporada en el equipo de adquisición Quattro®. Este equipo permite realizar los tres pasos de procesamiento: la amplificación de la señal cruda; un filtrado analógico pasabanda; y la conversión analógica digital que permite procesar la señal de forma digital.

Amplificación de señales sin procesar: El equipo Quattro® realiza la grabación de EMG en modo diferencial, esto es midiendo la diferencia de tensión entre los electrodos bipolares de superficie, es decir entre el electrodo de referencia y el electrodo ubicado en el músculo de interés. Como se observa en la tabla de especificaciones técnicas del equipo de OT Bioelettronica (Tabla 6), éste cuenta con una CMRR mayor a los 96 dB lo que brinda una amplificación de 150 v/v.

- **Filtrado analógico:** El equipo utiliza un filtro pasa banda de 15 a 500 Hz, y se aplica a la señal sin procesar antes de ser digitalizada. Este filtro de paso banda elimina las frecuencias bajas y altas de la señal. Este valor de filtro se corresponde con las recomendaciones de SENIAM (7) y con las de ISEK (42).
- **Conversión Analógico/Digital:** Seniam e ISEK recomiendan una velocidad de muestreo de al menos el doble de la frecuencia de corte del filtro analógico de paso bajo utilizado a fin de evitar el efecto de aliasing. En nuestro caso, al tener una frecuencia de corte de filtro de paso bajo de 500 Hz, se respeta el teorema de Nyquist al utilizar una frecuencia de muestreo de 1024 Hz, utilizando 16 bits de resolución (7) (42).

3.2. PROCESAMIENTO DIGITAL

Con el objetivo de transformar la señal en una medida de la activación del músculo, eliminando ruido y clarificando la señal en el proceso, se procede a pasar la señal RAW por una serie de etapas:

- **Eliminación de Offset:** Es una etapa donde se busca eliminar alguna componente continua sobre la que se encuentre montada la señal. Este paso se obtiene al calcular la media de la señal y sustrayendola de la señal RAW. En caso de que no posea una componente continua, al ser una señal con valores positivos y negativo la media de la señal daría como resultado 0. Una implementación de esto en código de MATLAB® puede ser como sigue:

```
emg_demean = RAW - mean(RAW);
```

- Filtro paso alto digital:*** Siguiendo la recomendación de ciertos autores (43) se aplica un filtro pasa alto Butterworth de 4º orden con una frecuencia de corte de 20 Hz, ya que debido a la calidad del sistema de captura o al movimiento de los electrodos durante los experimentos existe en la señal registrada ruido de baja frecuencia, por lo que se hace necesario la implementación de un filtro paso alto permitiendo pasar las componentes de alta frecuencia. En el cuadro siguiente se observa la implementación en código de MATLAB®.

```
fn=Fs/2; %Hz - Frecuencia de Nyquist - 1/2 Frecuencia de muestreo
orden = 6; % orden del filtro
fpa = 20; % Hz - Frecuencia filtro pasa alto
[b,a]=butter(orden, (fpa * 1.116 /fn), 'high');% Coeficientes del filtro
emg_pasaalto=filtfilt(b,a,emg_demean);
```

En el código puede observarse la implementación de un filtro Butterworth pasa alto de 6º orden, el cual opera a la frecuencia de Nyquist al utilizar la mitad de la frecuencia de muestreo que utiliza el EMG Quattro®, la cual es de 1024 Hz.

Obsérvese que la frecuencia de corte (f_{pa}) de 20 Hz se encuentra ajustada por un coeficiente de ajuste que varía con el orden del filtro, de tal modo que garantiza que la frecuencia de atenuación a -3dB (frecuencia en la cual la potencia de salida es un medio de la potencia de entrada) se ubicará por encima de la frecuencia de corte deseada. El filtro usado debe tener la propiedad de zero-phase delay para evitar cambios de la señal EMG en el tiempo, por lo que se utiliza la función disponible en MATLAB® denominada `filtfilt()` la cual aplica un filtro digital primero de manera directa y luego se lo aplica de manera inversa.

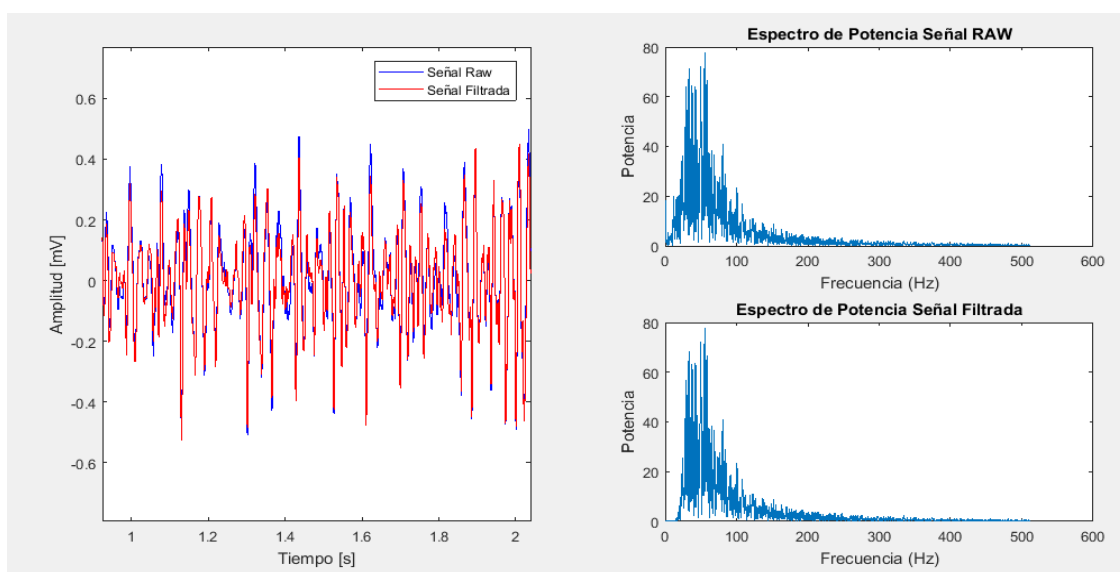


Imagen 81: Resultado de aplicar un filtro Butterworth Pasa alto a 20 Hz.

Como se observa en la Imagen 81, al aplicar un filtro Butterworth pasabajo a 20 Hz a una señal RAW de EMG, al realizar un análisis del espectro de potencia se puede observar el correcto funcionamiento del filtro, donde se deja paso a las frecuencias altas.

- **Rectificación de onda completa:** Se obtiene tomando los valores absolutos de cada instante. Esta etapa es necesaria aplicar ya que la señal de EMG normalmente presenta oscilaciones rápidas que varían en períodos cortos, de forma más o menos por igual a ambos lados del cero, por lo tanto la aplicación de alguna técnica de suavizado a una señal de este tipo dará cero. Si uno rectifica primero, las oscilaciones negativas se convierten en oscilaciones positivas, y no se presenta este inconveniente. Esto, en el código de MATLAB®, puede lograrse de un modo muy sencillo aplicando valor absoluto a toda la señal, es por esto que no se muestra dicha porción de código.
- **Suavizado:** Si bien la lista de alternativas para suavizar las señales podría extenderse ad infinitum, en la siguiente sección se analizarán en mayor detalle las tres alternativas nombradas en el marco teórico, ya que se encuentran entre los métodos más comunes para suavizar señales. Estas son filtro pasabajo Butterworth, media móvil y RMS.

3.3. COMPARATIVA DE MÉTODOS DE SUAVIZADO

El músculo, de forma natural, actúa como un filtro. Esto implica que, aunque la señal eléctrica que pasa a través del músculo tenga componentes de frecuencia de más de 100 Hz, la fuerza que el músculo genera es de frecuencias mucho más bajas. En otras palabras las curvas de fuerza muscular son más suaves que las curvas de la señal EMG RAW. En los músculos hay muchos mecanismos que causan este filtrado, por ejemplo, la dinámica del calcio, la transmisión de los potenciales de acción musculares a lo largo del músculo, o la propiedad viscoelasticidad del músculo-tendón. Por lo tanto, para que la señal EMG se correlacione con la fuerza muscular, es importante filtrar las componentes de alta frecuencia, es por esto que la técnica de suavizado se presenta como una alternativa para llevar a cabo este proceso.

3.3.1. FILTRO PASA BAJO

Esta tarea puede llevarse a cabo utilizando una versión discreta de un filtro paso bajo tradicional como Butterworth o Chebyshev. Estos son filtros de "respuesta de impulso infinita" (IIR). Un filtro IIR se aplica a menudo tanto en las direcciones hacia adelante como hacia atrás, porque de este modo se evita el desplazamiento de fase. La frecuencia de corte puede variar típicamente en el intervalo de 3 a 10 Hz.

Una de las ventajas que presenta este método es que permite su uso de modo Online. En el presente trabajo se aplica un filtro paso bajo Butterworth de 4º orden con una frecuencia de corte de 6 Hz en el software MATLAB® tal como se observa en la Imagen 82.

```
%Butter 6Hz
fn=Fs/2;%Hz - Nyquist Frequency - 1/2 Sampling Frequency
[b,a]=butter(orden, (fpb*1.116 /fn), 'low');% Coeficientes del filtro
emg_butter=abs(filtfilt(b,a,emg_demean));
```

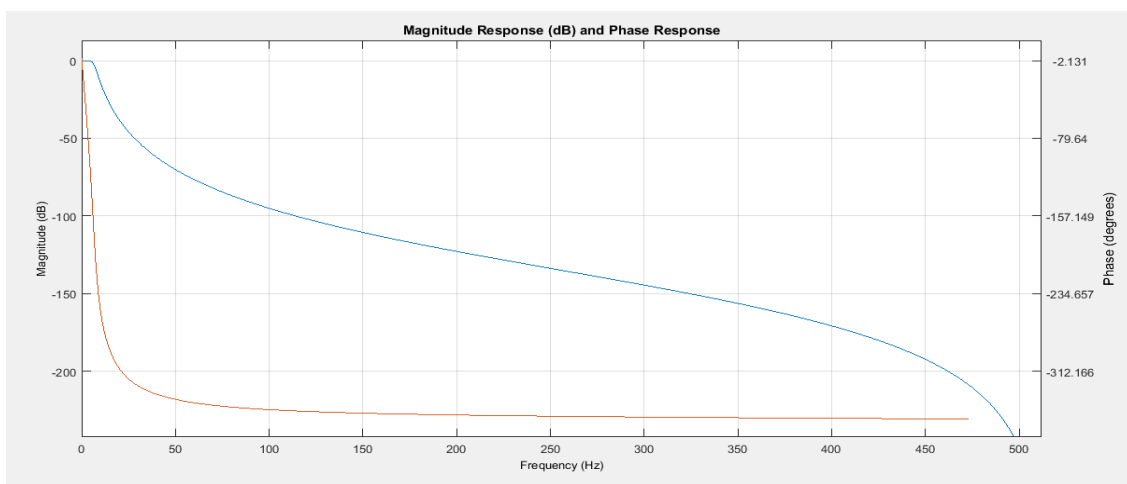


Imagen 82: Diagrama de Bode para Filtro Butterworth de 4to Orden.

Todos los filtros causales introducen un retardo de tiempo en la salida ya que no pueden actuar instantáneamente en la señal de entrada. El retardo de tiempo de un filtro ideal es independiente de la frecuencia. Es decir, el filtro modificará la fase de cada componente de frecuencia ingresando al sistema exactamente de la misma manera. Realizando un análisis de la respuesta en fase de un filtro de estos se observaría una relación lineal entre la frecuencia y la fase. Ahora bien, si se realiza un análisis de la respuesta en fase del filtro Butterworth propuesto, se puede observar que esta relación no es lineal. La no linealidad es una característica propia de los filtros IIR.

3.3.2. MÉTODO MEDIA MÓVIL

Esta alternativa se la conoce en inglés como “Moving Average”. La media móvil se usa comúnmente con datos de series temporales para suavizar las fluctuaciones a corto plazo y resaltar las tendencias o ciclos a más largo plazo. Matemáticamente, la media móvil es un tipo de convolución, por lo que se puede ver como un ejemplo de filtro de paso bajo utilizado en el procesamiento de señal.

El método de media móvil consiste en la creación de una serie de promedios de diferentes subconjuntos obtenidos del conjunto de datos completo. Dada una serie de números y un tamaño de subconjunto fijo (conocido como “ventana”), el primer elemento de la media móvil se obtiene tomando el promedio del subconjunto fijo inicial de la serie numérica. Luego el subconjunto se modifica "desplazando hacia adelante"; es decir, se desliza la “ventana” y se repite el procedimiento tomando el nuevo subconjunto de datos. Tal ventana de media móvil es un ejemplo de un filtro de respuesta de impulso finito (FIR, por sus siglas en inglés). Si la ventana es simétrica y centrada, entonces no alterará la fase, o tiempo, de la señal. Se dice que los filtros que no alteran la fase tienen "cambio de fase cero". Este tipo de filtros también permiten en ciertos casos un tratamiento Online de la señal.

A continuación en el siguiente cuadro se observa el código de MATLAB® utilizado para emplear el método de la media móvil. Obsérvese que el número de muestras que conforma la ventana fue para este caso de 125 muestras.

```
% Parametros Moving average

n_sample = 125; % mSeg

%Moving average
y = cumsum([0; emg_rect]); % agrega un 0 al principio de la señal

emg_movingav = (y(n_sample+1:end) - y(1:(end-n_sample)))/n_sample;
inde = 1:1:length(emg_movingav);
t_movingav = (inde/Fs)';
```

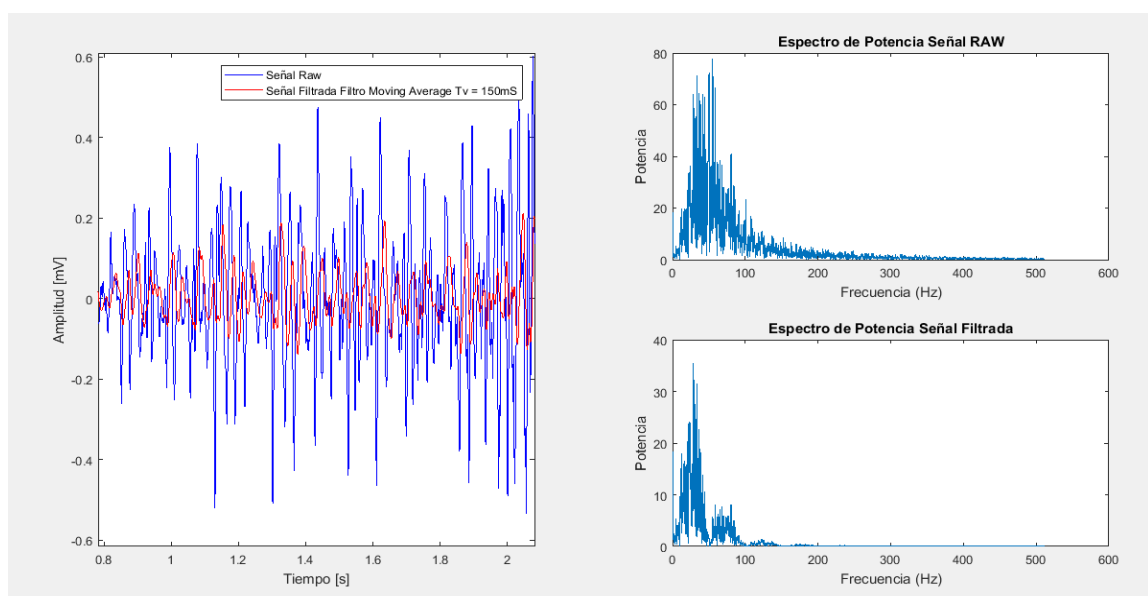


Imagen 83: Resultado de aplicar un filtro Moving Average a una señal RAW de EMG. A la derecha se observa el espectro de potencia para cada señal.

Al aplicar un filtro Moving Average a una señal de EMG se obtienen los resultados de la Imagen 83. Nótese como el espectro de potencia de la señal filtrada disminuye para las altas frecuencias producto de aplicar el filtro.

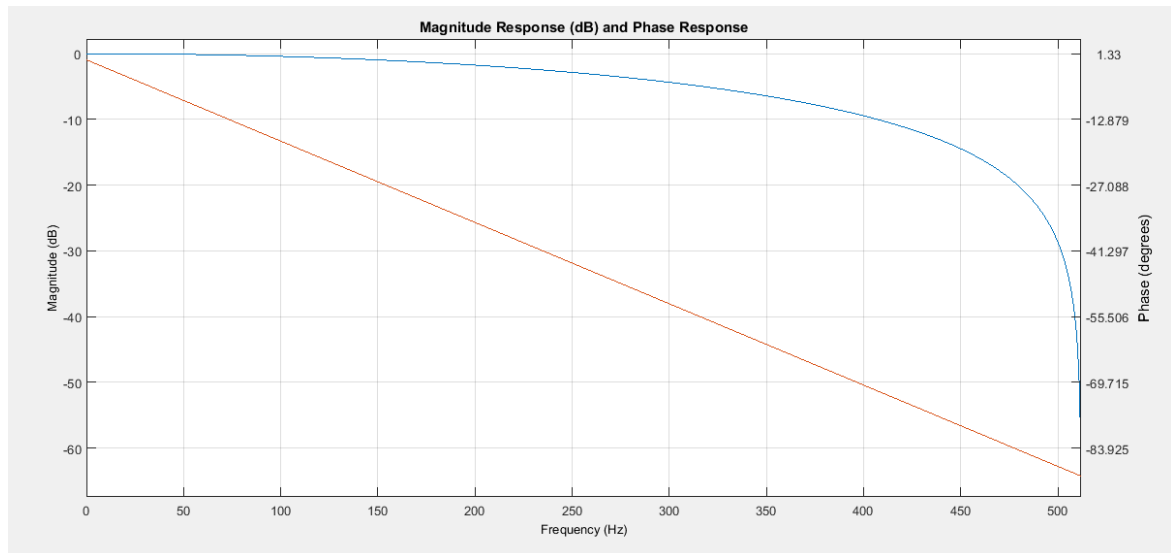


Imagen 84: Diagrama de Bode para Filtro Moving Average.

La Imagen 84 muestra el diagrama de Bode del filtro implementado en donde se puede observar la linealidad que presenta la fase, característica propia de los filtros FIR.

3.3.3. MÉTODO VENTANA RMS

Otro método alternativo para suavizar la señal es el de obtener el valor cuadrático medio o RMS (del inglés "Root Mean Square") el cual queda definido como la raíz cuadrada del promedio de los valores elevados al cuadrado. Esta cantidad se define para un intervalo de tiempo específico T que debe indicarse. Este método en el plano matemático es ligeramente distinto de aquellos donde se utiliza un filtro pasabajo, razón por la cual ciertos autores no lo consideran un filtro per se. (99).

El valor RMS es una medida de la potencia de la señal, por lo tanto, tiene un claro significado físico. Por esta razón, el valor RMS se prefiere para la mayoría de las aplicaciones (100). A continuación, se observa el código en MATLAB® utilizado para suavizar la señal utilizando una ventana RMS. Se define una ventana de 250 ms y se considera un solapamiento a la hora de determinar el RMS de 230 ms, es decir que se tiene una ventana neta de 20 ms. Este hecho provoca una disminución del número de muestras, lo que se traduce en una disminución de la frecuencia.

```

%señal envolvente
% Parametros RMS
ventana = 250/1000*Fs; % resultado en mSeg / n° de muestras
overlap = 230/1000*Fs; % solapamiento. n° de muestras (desde ultima
muestra de ventana)
delta = ventana - overlap;
zeropad = 0;

%(RMS)
del = round(ventana - overlap);
indices = 1:del:length(emg_pasaalto);

if length(emg_pasaalto) - indices(end) + 1 < ventana
    indices = indices(1:find(indices+ventana-1 <= length(emg_pasaalto), 1,
'last'));
end

RMS = zeros(1, length(indices));
emg_pasaalto2 = emg_pasaalto.^2;
index = 0;

for i = indices
    index = index+1;
    RMS(index) = sqrt(mean(emg_pasaalto2(i:i+ventana-1)));
end

t_rms = linspace(0, (del/Fs)*length(indices), length(indices));

```

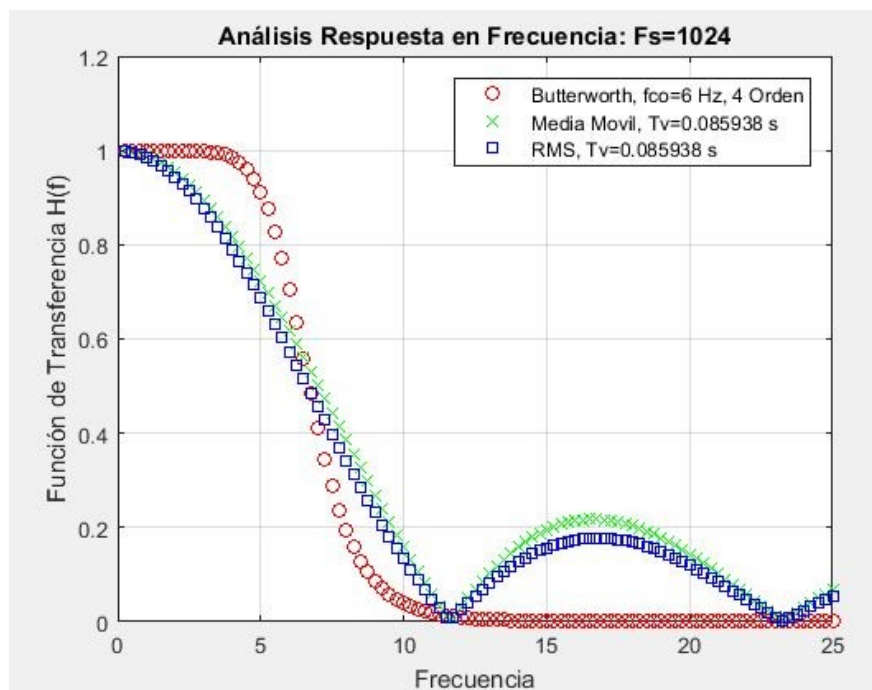


Imagen 85: Análisis de la respuesta en frecuencia de los tres métodos de suavizado propuesto.

La Imagen 85 muestra la respuesta en frecuencia de la detección de la envolvente para los métodos Butterworth, media móvil y valor cuadrático medio (RMS). El eje x indica la frecuencia de la modulación sinusoidal de una EMG simulada sin procesar. El valor en el eje y es el cociente entre la amplitud de la envolvente y la amplitud de la señal sin procesar.

Se usó un filtro Butterworth de cuarto orden, el cual se aplicó dos veces para evitar el corrimiento de fase. A su vez, la frecuencia de corte fue ajustada a 6 Hz. El ancho de la ventana de la media móvil se estableció a partir de que la teoría determina que el filtro tendrá una frecuencia de corte, con una atenuación de 3 dB, siguiendo la relación $f_{co} = \frac{0,443}{Tv}$, esto es $Tv = 86 \text{ ms}$, para lograr una frecuencia de corte $f_{co} = 6 \text{ Hz}$. La figura muestra que el filtro de media móvil y el filtro Butterworth se atenúa en 0.71 a 6 Hz, como se esperaba. Un punto clave es que una ventana más amplia da como resultado una frecuencia de corte más baja.

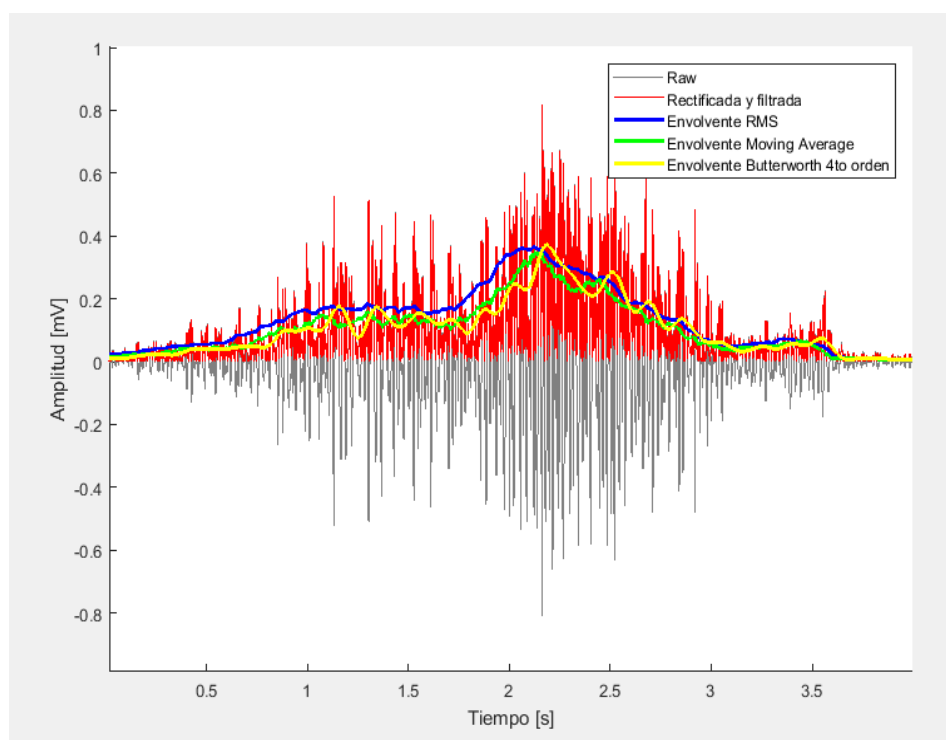


Imagen 86: Progreso de la señal hasta obtener la envolvente. A su vez se comparan los 3 métodos propuestos para suavizar.

La aplicación de estos filtros a un EMG real obtenido del bíceps braquial durante una contracción voluntaria se muestra arriba. En la Imagen 86 se muestra la señal RAW en gris; la señal ya rectificada y filtrada en rojo; la envolvente obtenida a partir de un filtro Butterworth de 4to orden pasabajo de 6 Hz; la envolvente que se obtiene aplicando un filtro de media móvil con una ventana de 20 ms de ancho; y la envolvente que se obtiene al aplicar un filtro RMS.

A continuación se realiza una comparativa de los resultados obtenidos mediante las tres propuestas para una porción de señal de EMG (Imagen 87).

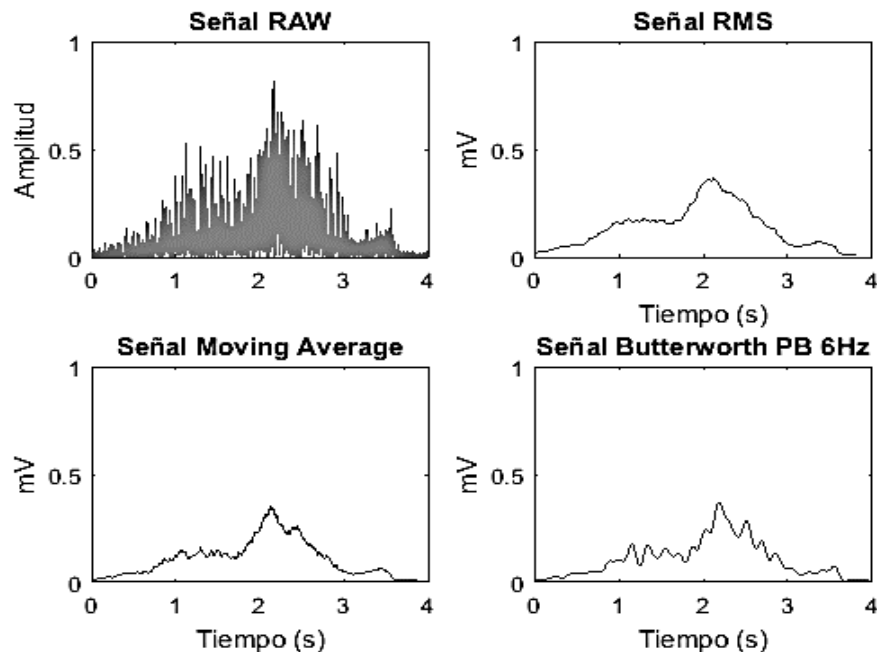


Imagen 87: Resultado de aplicarle a una porción de una señal de EMG los tres métodos de filtrado propuestos.

Las envolventes obtenidas son muy similares entre sí, aunque a simple vista puede observarse que la envolvente correspondiente a la RMS es la que presenta un mayor suavizado pero a su vez una mayor área respecto a las demás envolventes. Si bien se observa como la envolvente de la señal filtrada por medio de un filtro Butterworth de 4to orden sigue de mejor manera las variaciones de la señal original, presentando variaciones más bruscas de la pendiente, hecho que se refleja en una mayor presencia de picos, en nuestro caso práctico ya que esta señal será con la que se determine el nivel de activación, se busca un cambio de pendiente menos brusco para representar un nivel de activación más armónico y homogéneo. Por otra parte, se tiene la envolvente de la señal filtrada por medio del Moving Average la cual se presenta como un intermedio entre las otras dos señales. Si bien parece que la envolvente presenta un suavizado más uniforme respecto a la señal con filtro Butterworth, al observar como mayor detalle se puede ver como la línea de la curva parece de un mayor grosor. Al aumentar la escala se observa que se corresponde a pequeñas fluctuaciones de la señal. Este fenómeno se ve amplificado seleccionando valores más pequeños de ventana.

Una razón para desconfiar del método RMS es que, si los valores de la señal NO se distribuyen normalmente, especialmente si los valores atípicos se producen con más frecuencia de lo que predice la distribución normal, entonces el método RMS puede hacer errores de estimación significativos.

Pese a todo, siguiendo con la tendencia que se observa en la bibliografía, se elige utilizar el método de RMS, ya que se considera que el cálculo de RMS proporciona la mayor información sobre la amplitud de la señal EMG en comparación con el resto de los métodos de suavizado, ya que proporciona una medida de la potencia de la señal, al tiempo que produce una forma de onda que es fácilmente analizable.

3.4. NORMALIZACIÓN

Como ya se comentó en el marco teórico, con el objetivo de proporcionar una expresión de la activación muscular relativa, la normalización de los datos de EMG requiere el uso de un valor de referencia estandarizado y confiable contra el cual se miden los datos experimentales (55). La normalización de EMG es el proceso mediante el cual los valores de la señal eléctrica desarrollados durante la sesión se expresan como un porcentaje de la actividad de ese músculo durante una contracción de prueba calibrada (101).

A continuación, se desarrollará el proceso que se siguió para expresar las señales de EMG ya filtradas en valores porcentuales de la máxima fuerza que el paciente pudo efectuar en la sesión isotónica.

3.4.1. MCV

Normalmente, la señal de EMG se expresa como un porcentaje del impulso neural máximo adquirido mientras un sujeto realiza una contracción voluntaria máxima isométrica (MCV) del músculo deseado. Esta es quizás la estrategia más poderosa para ser utilizada en personas sanas. Sin embargo, tal como se mencionó en el capítulo anterior, las contracciones de esfuerzo máximo generalmente no son posibles para pacientes mayores o para pacientes con síntomas. Este dato no es menor, pero debido a que el alcance de este trabajo sólo plantea el estudio de pacientes sanos se opta por utilizar este método.

Posterior a la adquisición de los datos durante la sesión de MCV, se procesaron dichas señales del mismo modo que las señales de EMG desarrolladas durante las pruebas controladas. Esto es, la señal fue filtrada, rectificadas y suavizada utilizando el método de RMS (Imagen 86).

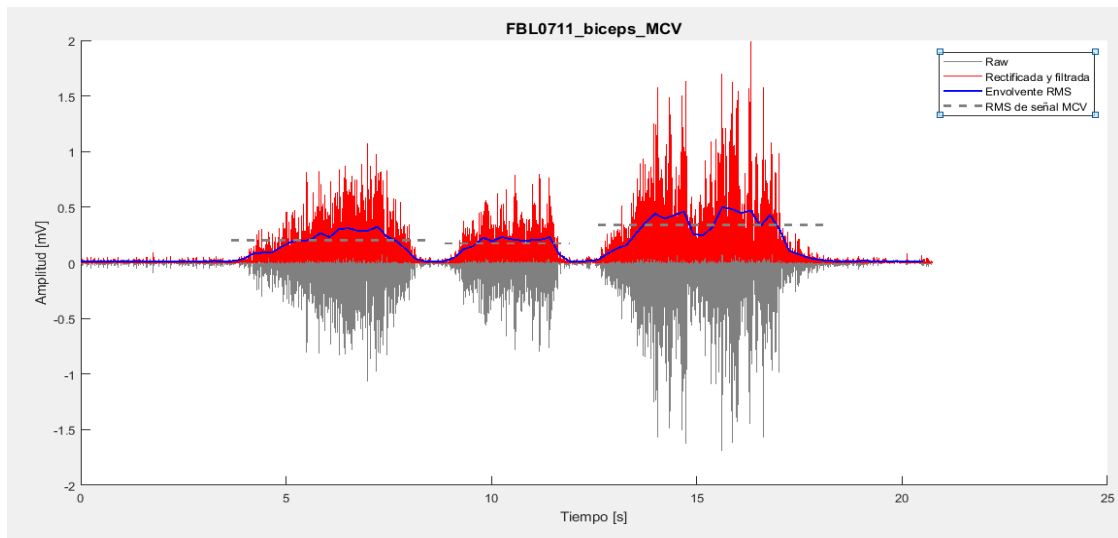


Imagen 88: Registro de MCV del músculo bíceps de un voluntario. El conjunto de la señal fue rectificado, filtrado y suavizado. A cada contracción se le calculó el RMS, el cual se encuentra representado por la línea de trazo.

Como se describió en la sección de adquisición de datos, y puede observarse en la Imagen 88, se realizaron tres máximas contracciones donde a cada segmento se le calculó el RMS, siguiendo la siguiente ecuación,

$$RMS = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{n=1}^N |X_n|^2} \quad [4]$$

Obtenido el valor escalar de RMS para cada contracción se realizó un promedio entre los tres valores obtenidos y se determinó un único valor de máxima contracción (Imagen 89).

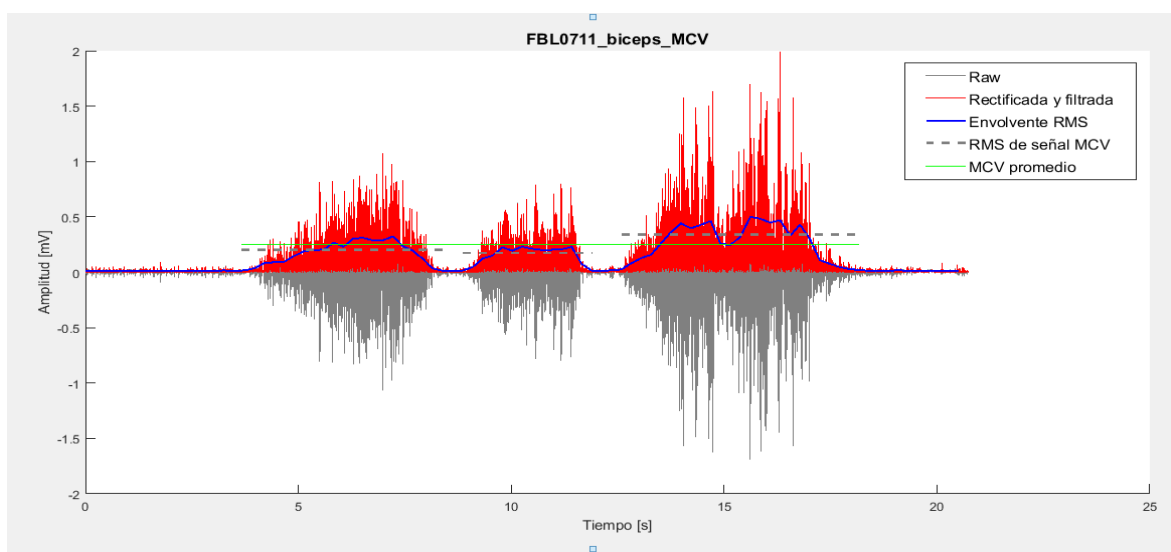


Imagen 89: Registro de MCV del músculo bíceps de un voluntario. Se grafica en verde el valor de RMS calculado para la MCV de dicho músculo.

Finalmente, el proceso de normalización se completó aplicando la siguiente ecuación a cada registro del músculo correspondiente.

$$\text{Señal normalizada} = \frac{\text{Valor de amplitud}}{\text{Amplitud MCV}} * 100 \quad [5]$$

Todo el procesamiento de la señal puede verse resumido en la Imagen 90, en donde se parte de la señal RAW hasta obtener un valor porcentual de nivel de activación u(t).

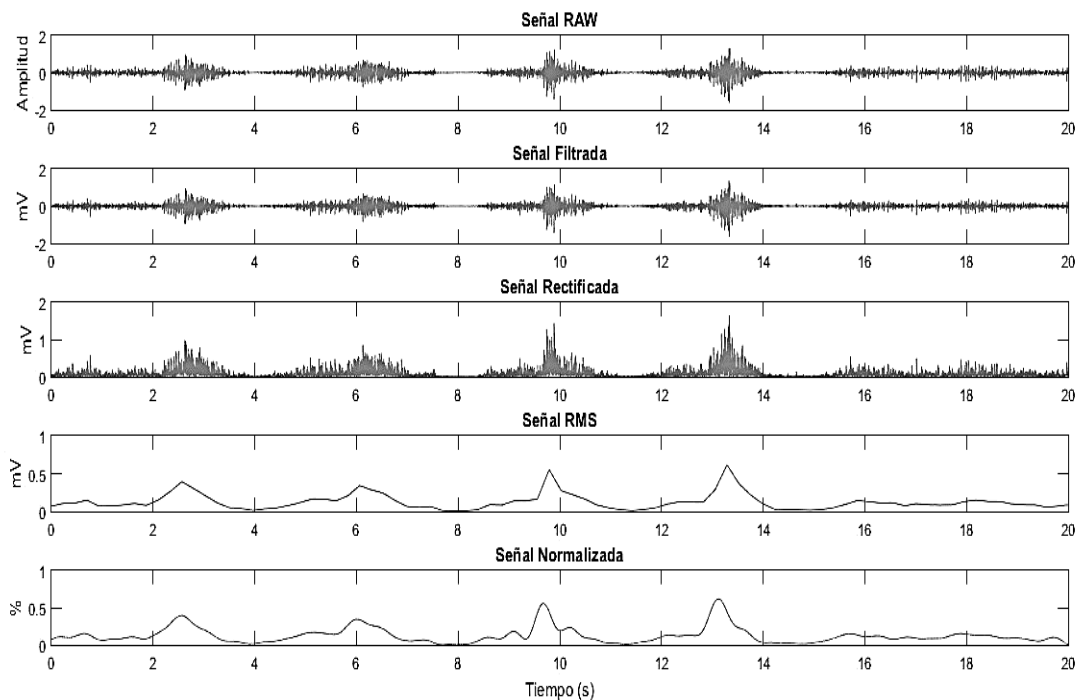


Imagen 90: Procesamiento de señal completo que se le realiza a la señal RAW.

4. MODELO MÚSCULO-TENDÓN

En esta sección se desarrollará el modelo músculo-tendón que se propone. La Imagen 71 con la que se abre el presente capítulo puede reescribirse para cada músculo tal como se observa en Imagen 91. El presente modelo, basado en el modelo fenomenológico propuesto por Hill, permite determinar cuál es la fuerza que realiza un músculo valiéndose del nivel de activación que sufran las fibras musculares y de cuánto es la variación de longitud que el mismo experimenta en cierta unidad de tiempo. Debido a que la medición de estos parámetros es prácticamente imposible de realizar de un modo directo, se deben estimar a partir de otros dos parámetros que sí pueden medirse de forma directa. Estos son la señal de electromiografía proveniente del músculo, que luego de procesada se denomina $u(t)$, y la posición angular del brazo θ .

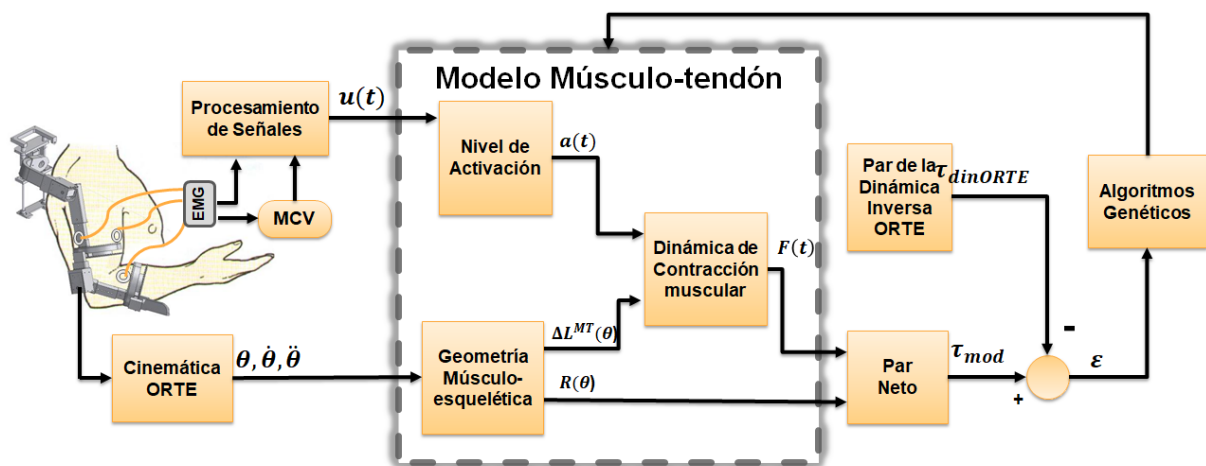


Imagen 91: Esquema donde se representan los distintos bloques en los que se basa el modelo propuesto en el presente trabajo.

Tal como fue explicado en el Capítulo 2, se considera que el músculo y el tendón actúan de manera conjunta para transmitir fuerza a los segmentos del cuerpo. El resultado de este análisis es el **modelo músculo-tendón** (Imagen 92), donde se busca estimar el par neto, τ , que genera la fuerza, F^{MT} , de cada músculo con respecto a una articulación ubicada a una distancia vectorial, R . El modelo Músculo-Tendón consta de tres partes: el **Nivel de Activación Muscular**, el cual representa la transformación de la señal neural de excitación, $u(t)$, en activación muscular, $a(t)$; la **Geometría Músculo-Esquelética**, donde se busca estimar la variación de la longitud del segmento músculo-tendón, $\Delta l_{CE}^M(t)$, y su cambio respecto al tiempo, a partir de la posición en el espacio del brazo en cada instante de tiempo, t , lo cual a su vez nos permite determinar el brazo de palanca, R , necesario para determinar el par; estos dos bloques obtienen los parámetros necesarios para el bloque principal llamado **Dinámica de Contracción Muscular**, que es en donde se utilizan las ecuaciones del Modelo de Hill-Zajac, y permite estimar la Fuerza muscular que realiza el músculo bajo análisis.

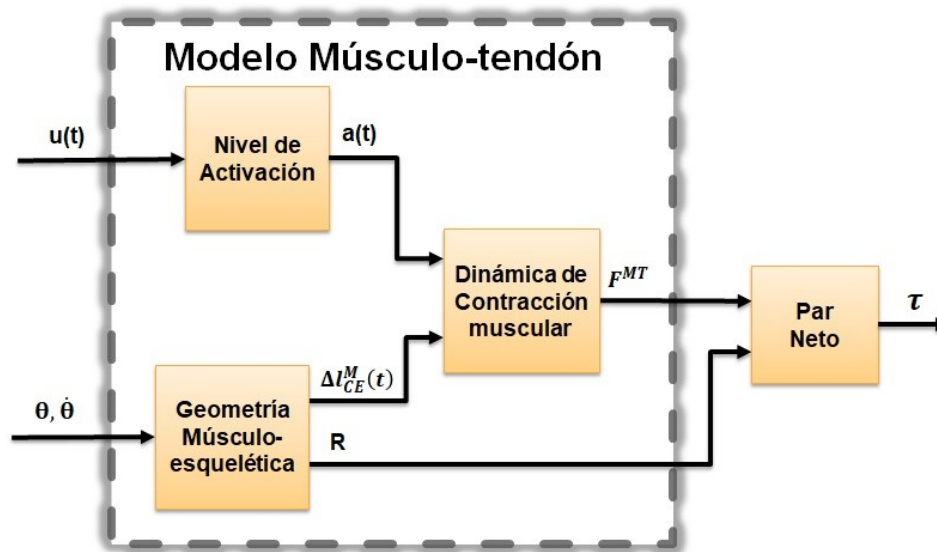


Imagen 92: Esquema donde se muestran los distintos bloques que forman al modelo Músculo-Tendón propuesto en el presente trabajo.

4.1. LIMITACIONES IMPUESTAS AL MODELO

Para llegar a las ecuaciones que definen el modelo, varias suposiciones y limitaciones fueron impuestas. Las principales suposiciones fueron hechas por Zajac (85) para llegar al modelo músculo-tendón, y son listadas a continuación:

- El músculo es considerado como una colección de fibras en paralelo y de igual longitud orientadas todas en la dirección del tendón o a un ángulo agudo α de éste.
- El volumen del músculo es constante y la distancia entre las aponeurosis del origen y la inserción es también constante. Bajo esta suposición, la fuerza en el tendón es igual a la fuerza del músculo cuando $\alpha = 0$ y es menor cuando $\alpha > 0$.
- Una fibra muscular de longitud L^M puede ser considerada como un conjunto de sarcómeros homogéneos de igual longitud, los cuales son excitados neuralmente para generar en serie la fuerza F .
- Un músculo es representado por n unidades motoras siendo controladas por n axones nerviosos que se originan en el SNC, cada uno con su propio control $u_i(t)$. Las fibras musculares de cada unidad motora i desarrollan colectivamente una fuerza F_i^M , la cual se suma con las otras fuerzas de unidades motoras para producir la fuerza neta F^M . La contribución de todas las señales $u_i(t)$ de cada unidad motora es representada por una sola señal escalar $u(t)$, la cual es representativa de todo el músculo. El incremento de $u(t)$ implica que las descargas en una unidad motora son más rápidas o que más unidades motoras son reclutadas.
- Existe homogeneidad entre las unidades motoras del mismo tipo. De esta forma, una colección de tejido muscular tiene propiedades equivalentes a cualquiera de sus fibras o sus sarcómeros.

- En la propiedad Fuerza-Longitud, la fuerza activa es dependiente del nivel de activación; mientras que la fuerza pasiva no es afectada por esta variable.
- El modelo mecánico de la dinámica de contracción está representado por la Imagen 97.
- Los niveles de activación y la dinámica de contracción muscular están desacoplados entre sí y se ubican en cascada (Imagen 92).
- El nivel de excitación neural $u(t)$ actúa a través de la dinámica de activación para producir la activación neta $a(t)$.
- La fuerza F_O^M y la longitud L_O^M escalan todas las cantidades de fuerzas y longitudes respectivamente.
- Las propiedades de la aponeurosis del músculo son idénticas a las propiedades del tendón.
- Los cambios en la longitud de fibra muscular no necesariamente imitan los cambios en longitud del músculo-tendón.
- Se incorpora un elemento de amortiguamiento del elemento paralelo d_m , el cual es agregado para prevenir cualquier singularidad del modelo cuando el nivel de activación o la fuerza es cero.
- Se introduce al modelo la condición de tendón con rigidez infinita. Esta condición permite resolver las ecuaciones del modelo de un modo más sencillo.
- El nivel de activación varía de forma lineal (valor de A cerca de 1) hasta la no linealidad (valor de A cerca de 0). No existe una razón fisiológica clara para ese parámetro.
- Las curvas de la geometría muscular ($R(\theta)$ y $l^{MT}(\theta)$) son altamente subjetivas, es por esto que se tiene módulos grandes entre los valores mínimos y máximos. Para determinar valores iniciales se utilizó el método de interpolación polinómica de Lagrange a partir de las gráficas encontradas en la bibliografía.
- El tamaño de fibra óptimo (L_O^M), la fuerza máxima (F_O^M) y el tamaño del tendón (L_{TS}) se consideraron factores de escala del valor biológico nominal de estas magnitudes en $\pm 20\%$, $\pm 50\%$ y $\pm 20\%$, respectivamente. Los valores presentados en la literatura para ese parámetro varían considerablemente por las diferentes condiciones de medida (estado de conservación del cadáver, hombre, mujer, joven, viejo, etc.). Así se permitió que varíe lo suficiente como para mantener un sentido fisiológico.
- El porcentaje de fibras rápidas β varía entre un 25% y un 75%.
- Las variaciones de los parámetros de forma de la curva fuerza-longitud y de fuerza-velocidad (ϕ_m y ϕ_v) son difíciles de determinar, así que los valores utilizados se probaron experimentalmente.
- Los coeficientes de ganancia lineal c_0 y c_1 iniciales también fue determinados de manera experimental.

4.2. NIVEL DE ACTIVACIÓN

Las magnitudes de las señales de EMG, y por ende los niveles de activación neural, $u(t)$, van a cambiar de acuerdo al aumento o disminución del esfuerzo muscular. Sin embargo, se observa que este cambio no es el mismo comparando una señal EMG de un músculo con la de otro, debido a que las magnitudes de las señales pueden variar dependiendo de muchos factores. Entre otras razones se pueden nombrar los tipos de electrodos utilizados, las ubicaciones relativas de los electrodos respecto a los puntos motores efectivos de los músculos, a la cantidad de tejido entre los electrodos y los músculos, etcétera.

Por otra parte, un músculo no puede generar fuerza o relajarse de un momento a otro. Como ya fue explicado en el marco teórico, para que se desarrolle una fuerza es necesario el desarrollo de una secuencia compleja de eventos, que comienza con la activación de unidades motoras y termina en la formación de puentes cruzados de actina-miosina dentro de las miofibrillas del músculo. Cuando las unidades motoras de un músculo se despolarizan, los potenciales de acción se desencadenan en las fibras del músculo y provocan que se liberen iones de calcio del retículo sarcoplásmico. El aumento en las concentraciones de iones de calcio inicia la formación de puentes cruzados entre los filamentos de actina y miosina. En experimentos aislados de contracción muscular, se ha observado que la demora entre el potencial de acción de la unidad motora y el desarrollo de la fuerza máxima varía desde 5 milisegundos para músculos oculares rápidos hasta 40 o 50 milisegundos para músculos compuestos por porcentajes más altos de fibras de contracción lenta. La relajación del músculo depende de la recaptación de iones de calcio en el retículo sarcoplásmico. Esta recaptación es un proceso más lento que la liberación de iones de calcio, por lo que el tiempo requerido para que la fuerza muscular disminuya puede ser considerablemente más prolongado que el tiempo necesario para que se desarrolle.

La lógica lleva a pensar que un pulso de estimulación creará una respuesta de contracción y múltiples pulsos de estimulación causarán múltiples respuestas de contracción. Pero, en estudios sobre unidades motoras individuales se ha observado que si el tiempo entre pulsos de estimulación disminuye (es decir, aumenta la frecuencia de estimulación), los impulsos comenzarán a fusionarse entre sí y la fuerza promedio producida por la unidad motora aumentará. Sin embargo, a medida que el pulso de frecuencia de estimulación aumenta progresivamente, las contracciones se acercarán más al tétano, en cuyo punto el músculo no puede producir más fuerza, incluso si aumenta la frecuencia de estimulación. Esto significa que hay una relación no lineal entre la frecuencia de estimulación y la fuerza para unidades motoras individuales. Esta no linealidad no se ve reflejada en el término $u(t)$.

Muchos investigadores suponen que $u(t)$ es una aproximación razonable de la activación muscular, $a(t)$, pero como se ha demostrado en distintos trabajos (por ejemplo, (102) (103) (104)), la señal de EMG isométrica no está necesariamente relacionada linealmente con la activación muscular, y por ende con la fuerza muscular.

Por lo tanto, para utilizar las señales EMG en un modelo muscular, primero debemos transformarlos en un parámetro que llamaremos activación muscular, $a(t)$. Este proceso se denomina nivel de activación muscular y la salida, $a(t)$, se representará matemáticamente como un valor variable en el tiempo con una magnitud entre 0 y 1.

En la bibliografía se pueden encontrar diversas alternativas para reflejar este hecho. Zajac (85) propuso utilizar una ecuación diferencial de primer orden; otros estudios plantean que el músculo genera una respuesta de contracción que puede estar representada por un sistema diferencial lineal de segundo orden críticamente amortiguado (105); dado que las señales de EMG que se registran forman una serie discreta de valores, en (106) se aproxima el sistema diferencial por medio de un filtro de segundo orden. Para el presente trabajo hemos empleado una formulación alternativa utilizada en (107) (108); (109) que es más simple y ofrece soluciones adecuadas:

$$a(t) = \frac{e^{Au(t)} - 1}{e^A - 1} \quad [6]$$

El nivel de activación muscular $a(t)$ se define en función del nivel de activación neural $u(t)$ que a su vez es una representación de la intensidad de la señal EMG. Para modelar la no linealidad y las características no estacionarias de éste (Imagen 93), escribimos la relación entre la activación neural y la señal amplificada como se observa en la ecuación anterior, en donde el parámetro A define el grado de no linealidad de la relación.

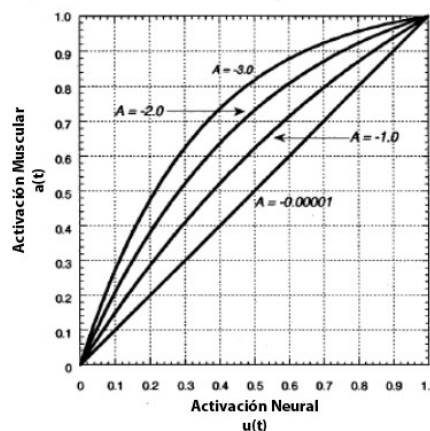


Imagen 93: Gráfica de relación no lineal entre el nivel de activación Neural y la activación Muscular. Se observan las gráficas de la activación neural para distintos valores del factor de forma no lineal A , puede variar entre -3 y 0, siendo $A = -3$ altamente exponencial y $A = 0$ una relación lineal.

4.3. GEOMETRÍA MÚSCULO-ESQUELÉTICA

La geometría músculoesquelética determina el tamaño del brazo de palanca de los músculos respecto a la articulación, como también determina el largo que tendrá la unidad músculo-tendón al desarrollar el movimiento.

Además del nivel de activación muscular $a(t)$, el modelo muscular de Hill-Zajac que se propone tiene como parámetro de entrada el largo en cada instante t del elemento músculo-tendón y la variación de ésta con respecto al tiempo, es decir velocidad. Estas variables toman importancia ya que juegan un papel importante debido a las relaciones de fuerza-longitud y fuerza-velocidad.

Por otra parte, la fuerza en cada unidad músculo-tendón contribuye al par total de la articulación (Imagen 94). El par conjunto es la suma de las fuerzas músculo-tendón multiplicadas por sus respectivos brazos de palanca $R_i(\theta(t))$, que se puede demostrar que es una función de la longitud del músculo.

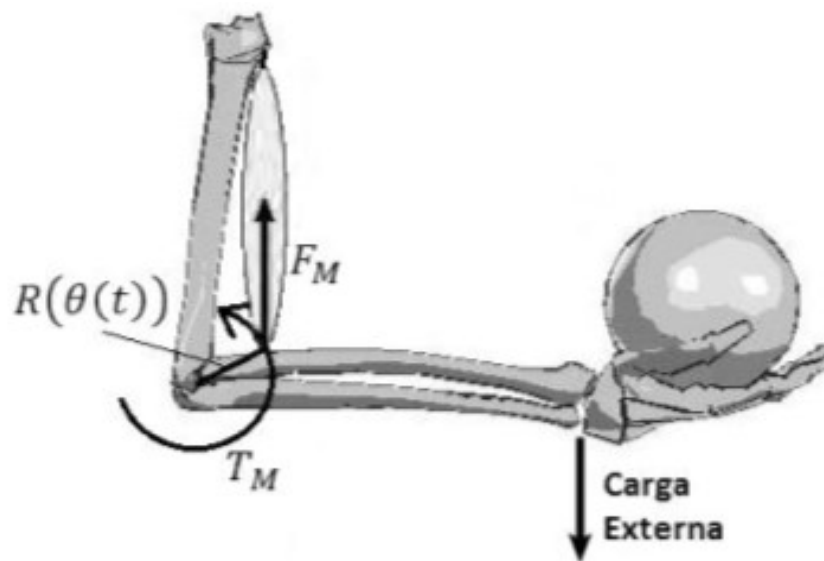


Imagen 94: Par que produce el músculo bíceps en la articulación del codo al levantar una carga externa ubicada en la palma de la mano. El músculo desarrolla una fuerza F^M la cual desarrolla un par T^M ubicado a una distancia vectorial $R(\theta(t))$, la cual se corresponde con el brazo de palanca.

Debido a que tanto la longitud como el brazo de palanca hacen referencia a cada paquete musculotendinoso que se analice, se necesitaría obtener información de cada uno de los músculos, es decir información de eventos que ocurren dentro del brazo, por lo que no es posible, de un modo práctico, medirlos de manera directa.

Una manera de obtener resultados bastante precisos tanto de la longitud como del brazo de palanca para una unidad músculo-tendón, sería utilizar un modelo músculoesquelético. Estos modelos deben tener en cuenta la forma en que las longitudes del músculo-tendón y los brazos de palanca cambian

en función de los ángulos de articulación. Los mejores modelos músculoesqueléticos incluyen información sobre la geometría de los huesos y las complejas relaciones asociadas con la cinemática de las articulaciones (por ejemplo, (110); (111)). Por ejemplo, la mayoría de las articulaciones no actúan como simples bisagras, además permiten traslaciones y rotaciones que pueden ser bastante complejas, por lo tanto, los centros conjuntos no son fijos. La implicación es que los brazos de palanca (es decir, la distancia desde el centro de la articulación a la línea de acción del músculo) también cambiarán. Además, los modelos músculoesqueléticos deben explicar el hecho de que los músculos no siguen líneas rectas. Las rutas musculares son mucho más complejas, y la definición de modelos anatómicamente apropiados implica el uso de gráficos computarizados sofisticados. E incluso cuando se construye un modelo músculoesquelético, es bastante difícil de verificar, lo que requiere muchas horas de investigación anatómica si se quiere asegurar que la geometría del músculo-tendón sea anatómicamente precisa.

Pero frente a este panorama, y a modo de simplificación para el alcance del presente trabajo, tanto la longitud instantánea del músculo como la longitud del brazo de palanca del músculo se estiman de forma indirecta a partir de los datos cinemáticos obtenidos por el exoesqueleto ORTE®. Por ende, para nuestro caso estos parámetros estarán en función de la posición angular de la articulación.

La primera variable fue calculada a partir de gráficas (Imagen 95) encontradas en la bibliografía (112) en donde se ponía de manifiesto la hipótesis que la longitud del músculo varía de acuerdo con el ángulo de la articulación.

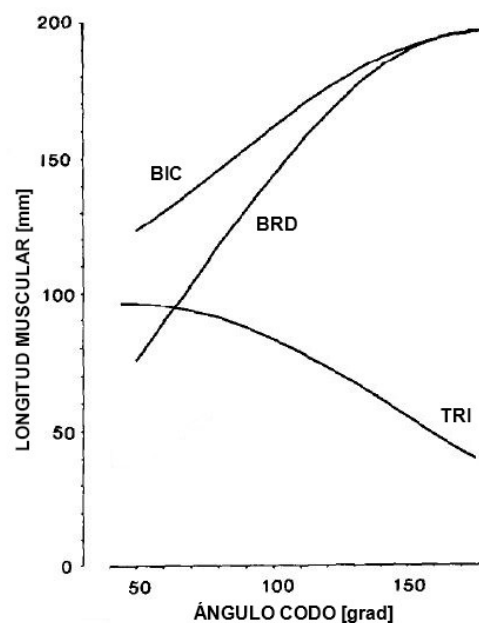


Imagen 95: Gráficas donde se representa la relación de la posición angular del codo y los músculos braquiorradial (BRD), bíceps (BIC) y tríceps (TRI), medidos tanto para especímenes masculinos como femeninos. Imagen modificada de (112).

Valiéndonos de estas gráficas se utilizó el método de interpolación polinómica de Lagrange para obtener un polinomio de tercer orden que determine una relación entre la longitud del músculo y su variación de acuerdo a la posición angular. La interpolación polinómica es un método usado para conocer, de un modo aproximado, los valores que toma cierta función de la cual sólo se conoce su imagen en un número finito de puntos en las abscisas. Para esto, se busca encontrar el polinomio interpolador de Lagrange $p(x)$ compuesto por la sumatoria del producto entre los k puntos valuados en ordenadas y_k y los polinomios de Lagrange $l_k(x)$, los cuales dependen de los k puntos valuados en abscisas x_k .

$$p(x) = \sum_{k=0}^n y_k l_k(x) \quad [7]$$

$$l_i(x) = \prod_{j=0, j \neq i}^n \frac{x - x_j}{x_i - x_j} \quad [8]$$

Desarrollando dicho polinomio, eligiendo 4 puntos de la gráfica anterior y renombrando los elementos por términos más representativos, podemos obtener un polinomio de tercer orden como el siguiente:

$$L^{MT}(\theta) = a_3 \theta^3 + a_2 \theta^2 + a_1 \theta^1 + a_0 \quad [9]$$

Los coeficientes que se obtuvieron para cada músculo se ven resumidos en la siguiente tabla.

Tabla 7: Coeficientes del polinomio que relaciona posición angular del brazo con longitud del elemento músculo-tendón:

	a_0	a_1	a_2	a_3
Bíceps	0,0816	0,0416	0,0080	-0,0030
Braquiorradial	0,0184	0,0448	0,0303	-0,0084
Tríceps	0,0874	0,0327	-0,0269	0,0037

Por otra parte, los resultados encontrados en (107) y (113) indican que el brazo de palanca varía de acuerdo con la posición angular de la articulación y que cuando esta variación es tenida en cuenta, la estimación del par se vuelve considerablemente más precisa. En el trabajo (114) se trazan las curvas de variación de este parámetro de acuerdo con la posición de la articulación para un hombre adulto y una mujer adulta (Imagen 96) de los músculos Braquiorradial (BRD), Bíceps Braquial (BIC) y Tríceps (TIR). Los valores positivos indican flexión mientras que los negativos indican extensión; además, el ángulo de 0° indica la extensión total.

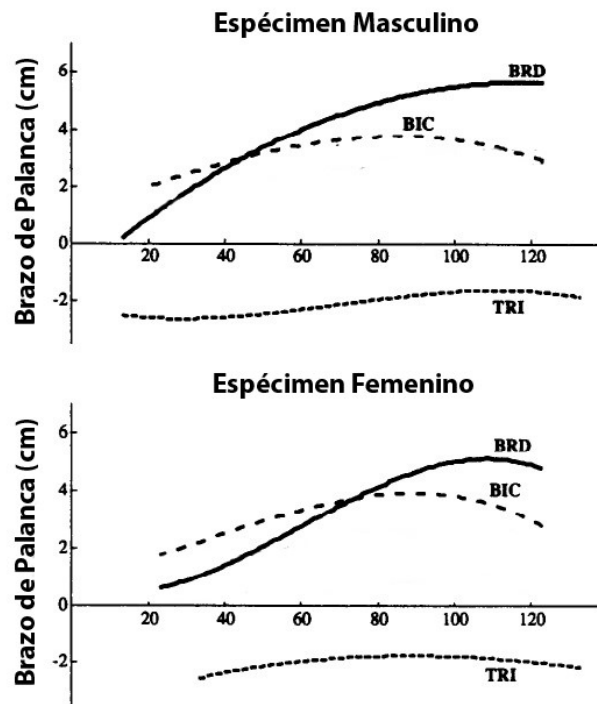


Imagen 96: Graficas donde se compara el brazo de palanca en cm de los músculos braquiorradial (BRD), bíceps (BIC) y tríceps (TRI), medidos tanto para especímenes masculinos como femeninos. Imagen extraída de (114).

Nuevamente se utilizó el método de interpolación polinómica de Lagrange, seleccionando 4 puntos de la Imagen 96 para cada músculo, y se pudo de este modo asumir que el brazo de palanca para determinados músculos varía de acuerdo con una función polinomial cúbica en relación al ángulo de la articulación. Se define entonces que el valor de esa longitud es dado por

$$R(\theta) = b_3\theta^3 + b_2\theta^2 + b_1\theta^1 + b_0 \quad [10]$$

Tabla 8: Coeficientes para el polinomio que relaciona la posición angular del brazo con el brazo de palanca respecto de la articulación del codo:

	b_0	b_1	b_2	b_3
Bíceps	0.0131	0.0171	0.0098	-0.0067
Braquiorradial	-0.0136	0.0770	-0.0284	0.0038
Tríceps	-0.0220	-0.0187	0.0230	-0.0063

El valor del brazo de palanca también varía de acuerdo con el ángulo de supinación y pronación del antebrazo. Sin embargo, esta rotación está restringida tanto por el exoesqueleto como por el tipo de movimiento que se realiza en el ejercicio, por lo que no se ha tenido en cuenta en el presente modelo.

4.4. DINÁMICA DE CONTRACCIÓN MUSCULAR

Una vez que se obtiene la activación muscular el próximo paso a realizar es determinar las fuerzas musculares. Para esto se requiere un modelo de la dinámica de contracción del músculo. Tal como se analizó en el estado del arte del modelado muscular, los modelos basados en Hill sobresalen del resto.

La dinámica de la contracción muscular rige la transformación de la activación muscular, $a(t)$, en la fuerza muscular, F_i . Una vez que el músculo comienza a desarrollar fuerza, el tendón (en serie con el músculo) también comienza a soportar carga y transfiere la fuerza del músculo al hueso. A esta fuerza se la llama fuerza músculo-tendón. Dependiendo de la cinética de la articulación, los cambios relativos de longitud en el tendón y el músculo pueden ser muy diferentes.

La disposición general de un modelo músculo-tendón tiene una fibra muscular en serie con un tendón elástico (SE) (Imagen 97). La fibra muscular también tiene un componente contráctil (CE) en paralelo con un componente elástico (PE).

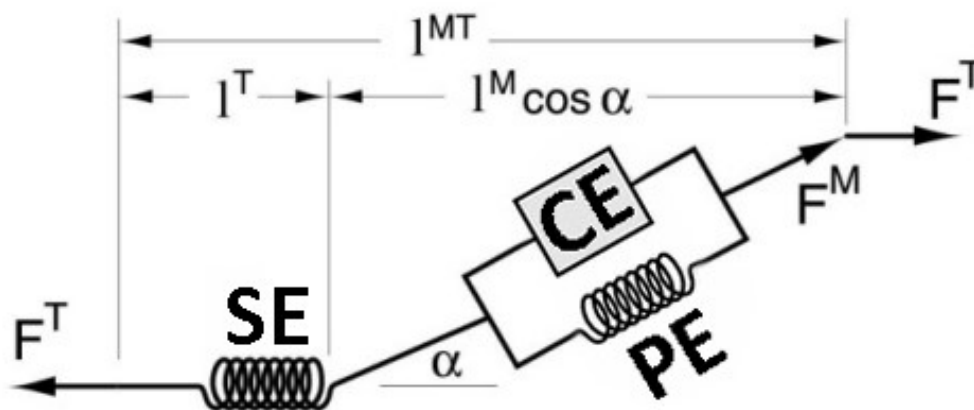


Imagen 97: Representación mecánica de la unidad músculo-tendón.

A continuación, se describirán las propiedades tanto del músculo como del tendón, donde ambos, producto de sus características, modifican la fuerza final que el músculo realizará.

4.4.1. PROPIEDADES DEL MÚSCULO

En esta sección nos centraremos en las propiedades del músculo que determinan los distintos valores y relaciones de la fuerza muscular. A continuación, se explicarán las tres propiedades musculares principales que intervienen en la contracción muscular: la arquitectura muscular, la relación fuerza-longitud, y la relación fuerza-velocidad.

▪ ARQUITECTURA MUSCULAR

La arquitectura muscular es la disposición de las fibras dentro de un músculo, relativa al eje de generación de la fuerza (115).

La arquitectura muscular incluye la masa muscular, la longitud de las fibras y el ángulo de penación α , el cual es el ángulo de inserción de los fascículos musculares y la aponeurosis del tendón (116). En función de la inclinación de las fibras musculares, existen dos tipos de músculos: los fusiforme (o longitudinal), los cuales están compuestos por fibras paralelas al eje de transmisión de la fuerza; y los peniforme (u oblicuos), en donde las fibras están insertadas de forma oblicua en el tendón.

Dado que el tendón se encuentra en serie con las fibras del músculo, la fuerza que desarrollarán las fibras del músculo en la dirección de la línea de acción del tendón F^T es

$$F^T = F^M \cos(\alpha) \quad [11]$$

A simple viste parece que los músculos peniformes son músculos que desarrollan menos fuerzas que los fusiformes, pero si bien se pierde parte de la fuerza generada en los fascículos, como se ve en la ecuación anterior, el ángulo de penación permite que para un mismo volumen muscular los músculos tengan mayor sección transversal y según (117) la fuerza que un músculo puede producir es proporcional a la sección transversal. Además gracias al ángulo de penación se puede incluir más material contráctil para una misma área de tendón. Esto es para fibras musculares que produzcan la misma fuerza. (Imagen 98)

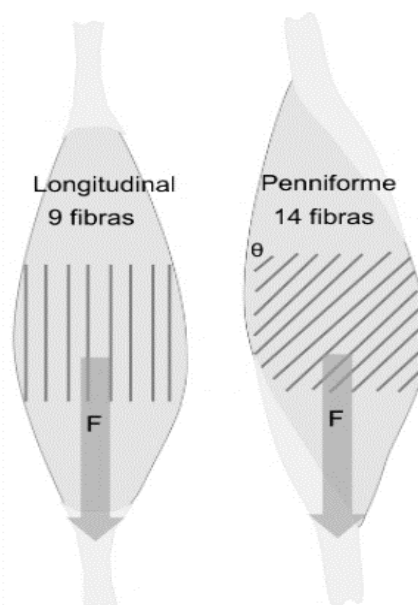


Imagen 98: Disposición de fibras musculares. Aunque las fibras del músculo peniforme contribuyen en menor medida a la fuerza total (se multiplica por el coseno de un ángulo) respecto al músculo longitudinal, en el músculo peniforme se pueden ubicar más fibras que en el longitudinal en el mismo..

Así se puede decir que los músculos fusiformes están más adaptados a la velocidad que a la fuerza, ya que dan mucho movimiento, pero se agotan rápido, mientras que los peniformes están más adaptados al trabajo de fuerza y como permiten tener un mayor número de fibras musculares son más resistentes a la fatiga.

▪ PROPIEDAD FUERZA-LONGITUD

Para comprender la dinámica de la contracción muscular, debemos comenzar por describir la relación entre la fuerza muscular y la longitud. La fuerza que realiza el músculo no es constante, sino que varía a medida que cambia la longitud del mismo. La curva Fuerza-Longitud es una propiedad de estado estable del tejido muscular, la cual relaciona la fuerza y la longitud del músculo en contracciones isométricas. Esta relación fue obtenida experimentalmente en 1966 por (118) mediante un ensayo sobre una única fibra muscular de rana. En dicho ensayo, se medía la fuerza que produce el músculo a una longitud específica, manteniendo los parámetros de activación fijos a niveles máximos. Si graficamos los valores obtenidos en dicho experimento, y a su vez incluimos los valores que se obtienen para distintos niveles de activación (107), se obtiene la siguiente grafica (Imagen 99).

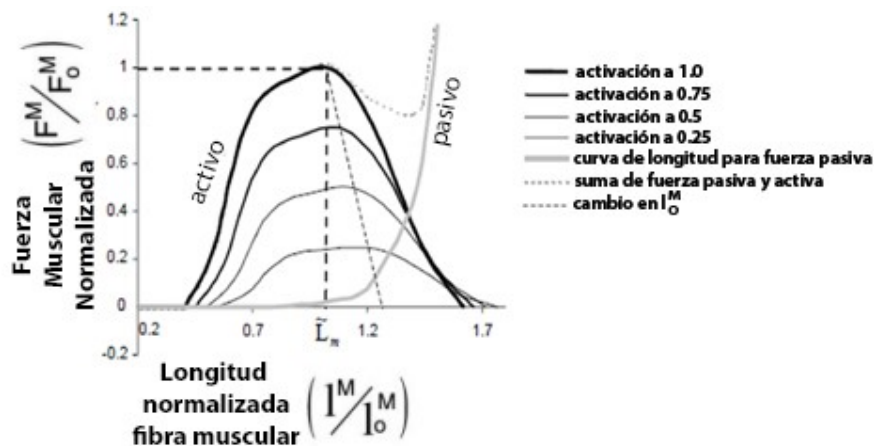


Imagen 99: Relación Fuerza-Longitud. Se observa tanto el componente activo de la fuerza como el aporte de los elementos pasivos. Se grafica la fuerza activa para distintos niveles de activación, denotando la dependencia de la fuerza activa con el nivel de activación y el cambio de l_0^M .

Tal como se observa en la Imagen 99, la curva se divide en tres regiones según la longitud del músculo.

- **Región Ascendente:** las longitudes son menores que las que se encuentran en la región plana ($l^M < l_0^M$).
- **Región Plana:** en esta región un cambio en la longitud, no ocasiona un cambio en la fuerza producida ($L^M = L_0^M$). En longitudes mayores o menores a esta región la fuerza activa decrece. En esta región el músculo alcanza la fuerza activa máxima F_0^M .
- **Región Descendente:** las longitudes son mayores que en la región plana ($L^M > L_0^M$). La fuerza activa decrece y la pasiva aumenta.

La mayoría de los músculos que intervienen solamente en una articulación, no suelen estirarse lo bastante como para que la fuerza pasiva ejerza un papel importante, pero el caso es diferente para los músculos biarticulares, en los que sí intervienen las porciones más externas de la curva fuerza-longitud. La forma de la curva activa generalmente es la misma en diferentes músculos, pero la curva pasiva, y de ahí la curva total, varía dependiendo de cuánto componente elástico contiene el músculo que se analice.

La explicación a nivel molecular al cambio de fuerza con la longitud es básicamente geométrica. Debido a que la fuerza está directamente relacionada con el número de puentes cruzados que interactúan con la actina en cada sarcómero, el nivel de solapamiento entre el filamento grueso y el delgado, permitirá un mayor o menor número de enlaces (118).

La fuerza muscular isométrica total normalizada es la suma de las componentes activa y pasiva, que se puede escalar a diferentes músculos para proporcionar la fuerza muscular isométrica total, F^M , utilizando el valor de fuerza óptimo F_O^M mediante la siguiente relación,

$$F^M = (F_A^M + F_P^M) F_O^M \quad [12]$$

Este concepto, donde el músculo puede ser modelado mediante un elemento activo y otro pasivo, se lo puede esquematizar tal como se observa en la Imagen 100.

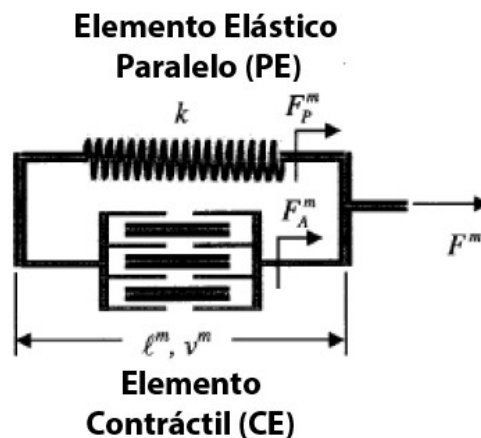


Imagen 100: Modelado de la porción muscular, por medio de un elemento elástico pasivo (PE) y un elemento contráctil activo (CE), ambos en paralelo.

La longitud de la fibra muscular l^M a la cual se alcanza la máxima fuerza activa F_O^M se llama longitud óptima (l_O^M). Estos dos últimos parámetros óptimos son lo que se utilizan para normalizar los valores obtenidos con el fin de que las operaciones sean matemáticamente más sencillas, al quedar todos referidos a valores relativos. A esta longitud se considera el punto donde hay un número mayor de puentes cruzados. Si hay un estiramiento más allá de esta longitud, los filamentos se alejan, se reduce

el número de puentes cruzados y con ello la fuerza. Si hay un acortamiento a una longitud menor que L_0^M , comienza a ocurrir un solapamiento de los puentes cruzados, y cuando se alcanza un solapamiento total la fuerza se reduce casi a cero.

La fuerza activa del músculo, F_A^M , se debe a los elementos contráctiles. Estos producen una fuerza máxima cuando los sarcómeros tienen una longitud óptima, es decir, cuando existe una superposición óptima de los miofilamentos de actina y miosina. Cuando el músculo está a una longitud superior a esa longitud óptima, no puede generar tanta fuerza porque hay menos superposición de actina-miosina lo que reduce el potencial de generación de fuerza del músculo. Del mismo modo, si está por debajo de esa longitud, su fuerza potencial máxima disminuirá también. Esta fuerza no depende solo de la longitud del músculo sino también de su nivel de activación debido a que este nivel determina la fuerza isométrica máxima producida por el músculo. De este modo podemos plantear las siguientes relaciones,

$$F_A^M = F_A(l) a(t) F_A(v) \quad [13]$$

$$F_A(l) = e^{\left[-0,5 \left(\frac{l^M(t)/l_0^M(t) - \varphi_m}{\varphi_v} \right)^2 \right]} \quad [14]$$

Donde la fuerza desarrollada por el músculo se representa como una función del nivel de activación, $a(t)$; de la relación fuerza-velocidad, $F_A(V)$, la cual será descrita en la siguiente sección; y de la relación fuerza-longitud producida por el elemento activo, $F_A(l)$, donde esta última es representada como una función gaussiana (119) con los parámetros φ_m y φ_v como factores de forma.

Por otro lado, la fuerza pasiva F_P^M , refleja la fuerza desarrollada cuando la parte no contráctil del músculo se estira. Esta fuerza aparece incluso al estirar un músculo que no se encuentre excitado, por lo que no depende de la activación. La fuerza pasiva aumenta exponencialmente a medida que el músculo es estirado y cuando se sobrepasa la longitud de reposo. Cuanto mayor es el estiramiento, mayor es la contribución del componente elástico a la fuerza total. Se utiliza entonces una relación exponencial (120) para representar la fuerza muscular realizada por el elemento pasivo en función de la longitud del músculo, la cual fue levemente modificada de manera experimental para que se ajuste a los resultados que se contaban en la bibliografía,

$$F_P^M = F_P(l) + d_m F_A(v) \quad [15]$$

$$F_P(l) = \frac{10 e^{5(l^M(t) - 1)}}{e^5} \quad [16]$$

El término d_m es un elemento de amortiguamiento del elemento paralelo el cual es agregado para prevenir cualquier singularidad del modelo cuando el nivel de activación o la fuerza es cero, ya que la masa del músculo no es tenida en cuenta (107). Se determina de modo experimental un valor fijo para todos los músculos y voluntarios de 0,1.

Nótese que F^M aquí no solo tiene en cuenta la relación fuerza-longitud del músculo, también se sabe que debe depender de la velocidad de contracción de la fibra muscular. Esta relación será la que se describa en la siguiente sección, completando tanto la ecuación de fuerza activa como la de fuerza pasiva.

▪ PROPIEDAD FUERZA-VELOCIDAD

La capacidad del músculo para generar fuerza depende de la velocidad de movimiento, como se ilustra a través de la relación fuerza-velocidad (Imagen 101) (121). Básicamente, la relación Fuerza-Velocidad es una curva hiperbólica construida a partir de los resultados de numerosos experimentos que han descrito la dependencia de la fuerza en la velocidad de movimiento (69).

La relación Fuerza-Velocidad (Imagen 101) describe la máxima fuerza $F^M(v)$ en estado estable del tejido muscular como una función de su tasa de cambio de longitud (85). La curva para máxima activación es la que se presenta comúnmente en la literatura.

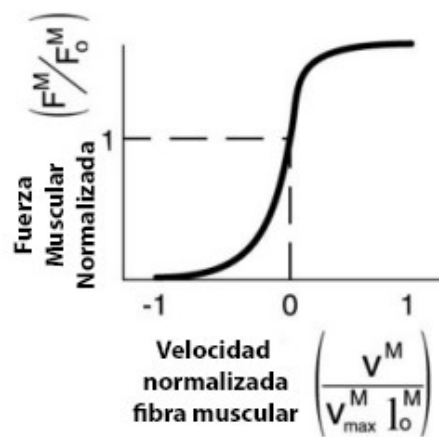


Imagen 101: Curva Fuerza-Velocidad.

Los estudios llevados a cabo por Hill demuestran que un músculo se contrae con mucha rapidez cuando la carga es baja, mientras que cuando se aplican cargas, la velocidad de contracción disminuye, siendo cada vez más lenta cuanto más grande es la carga. Si la carga externa impuesta sobre el músculo es insignificante, y por ende la fuerza realizada también, el músculo se contrae concéntricamente con mayor velocidad. Cuando aumenta la carga y por lo tanto la fuerza a desarrollar por el músculo también

aumenta, este se contrae más lentamente, haciendo que el músculo se alargue excéntricamente. En el caso donde la carga externa iguala a la fuerza máxima que el músculo puede ejercer, deja de acortarse y esto es una contracción isométrica y la velocidad de acortamiento V^M es cero. Finalmente, si la carga se incrementa aún más y supera la fuerza máxima del músculo, este se estira excéntricamente. Este alargamiento es más rápido con mayor carga. La velocidad máxima de acortamiento V_0^{MT} varía según el tipo de fibra. Las causas biológicas que se le da a este hecho experimental, es la pérdida de fuerza en el elemento contráctil, cuando los puentes cruzados deben activarse y desactivarse rápidamente.

En algunos trabajos, el signo de la velocidad V^M durante la fase de acortamiento en la curva Fuerza-Velocidad, suele representarse con signo negativo; mientras que en otros se utiliza el signo positivo. Por consenso general, la velocidad de alargamiento es de signo opuesto a la de acortamiento. En el modelo aquí estudiado se toman como positivas las velocidades durante alargamiento y negativas durante acortamiento y la curva fuerza-velocidad es obtenida mediante contracciones isotónicas (tanto para alargamiento como para acortamiento).

La función utilizada para representar esta relación (2) es la siguiente

$$F_A(v) = \frac{0,1433}{0,1074 + e^{\left[-1,3 \sinh\left(2,8 \frac{V^{MT}(\theta)}{V_0^{MT}(t)} + 1,64\right)\right]}} \quad [17]$$

En donde V_0^{MT} es la velocidad máxima de acortamiento. Dado que la velocidad de cambio del músculo es la variación en el tiempo de la longitud del mismo, fue calculada derivando respecto al tiempo al polinomio que se determinó para la longitud músculo-tendón $L^{MT}(\theta)$, el cual está en función de la posición angular θ . Esto es,

$$V^{MT}(\theta) = \frac{dL^{MT}}{d\theta} = 3 a_3 \theta^2 \dot{\theta} + 2 a_2 \theta \dot{\theta} + a_1 \dot{\theta} \quad [18]$$

El parámetro $\dot{\theta}$ es la primera derivada de la posición angular, es decir la velocidad angular. Este parámetro también se obtiene de la cinemática de ORTE®.

Finalmente podemos escribir a la fuerza muscular como,

$$F^M = (F_A^M + F_P^M) F_O^M \quad [19]$$

$$F^M = (F_A(l) a(t) F_A(v) + F_P(l) + d_m F_A(v)) F_O^M \quad [20]$$

Donde F_L^M es la fuerza del tejido muscular debida a la longitud, $a(t)$ es la activación muscular, F_A^M es la fuerza desarrollada por el elemento activo, F_P^M es la fuerza desarrollada por el elemento pasivo, d_m es el coeficiente de amortiguamiento del elemento pasivo paralelo, $F_A(v)$ es la relación Fuerza-Velocidad y F_O^M es el valor de fuerza óptimo.

4.4.2. PROPIEDADES DEL TENDÓN

El elemento pasivo en serie transmite la fuerza del músculo al hueso. Está asociado con elementos linealmente elásticos en el puente cruzado y los filamentos de actina y miosina, así como con los tendones y aponeurosis.

En la bibliografía consultada (3) se considera que, en las relaciones de longitud y velocidad del elemento contráctil, la influencia de las propiedades viscoelásticas del tendón y la de la aponeurosis es distinta y, por tanto, deben analizarse por separado. Sin embargo, en el modelo utilizado en este trabajo de tesis (modelo de Hill-Zajac, (85)), se considera, desde el punto de vista mecánico, que las propiedades elásticas del tendón interno y externo son iguales. Razón por la cual, la elasticidad del músculo debida al elemento elástico en serie (SE) (Imagen 97) es atribuida en su totalidad al tendón.

Como el tendón está en serie con el músculo, cualquier fuerza que pase a través del músculo también debe pasar a través del tendón, y viceversa. Por esta razón, la fuerza en el músculo entero no se puede considerar sin examinar cómo esa fuerza afecta el tendón.

Los tendones son elementos pasivos que actúan como bandas elásticas. Debajo de la longitud de tensión del tendón, l_s^T , el tendón no lleva ninguna carga. Sin embargo, por encima de esta longitud el tendón genera una fuerza proporcional a la distancia que se estira. Zajac (85) observó a partir de la literatura que la tensión en el tendón es 3.3% cuando el músculo genera fuerza isométrica máxima, F_O^M , tal como se observa en la Imagen 102,

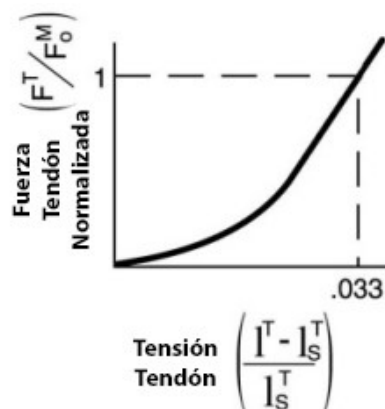


Imagen 102: Curva Fuerza-Tensión.

La tensión en el tendón puede entonces describirse como

$$\varepsilon^t = \frac{l^t - l_s^t}{l_s^t} \quad [21]$$

Tal como se aclaró, la fuerza varía con la tensión solo cuando la longitud del tendón es mayor que la longitud óptima del tendón; de lo contrario, la fuerza del tendón es cero.

La mayoría de las personas modelan el tendón como una línea recta simple con una pendiente positiva para valores superiores a la longitud del tendón. Sin embargo, debido a la presencia de colágeno en el tendón, una forma más representativa de la realidad, sería considerar una relación no lineal en longitudes menores a la longitud alcanzada con la fuerza máxima isométrica, tal como se observa en la figura anterior. Esto es,

$$\begin{aligned} F^T &= 0 & \varepsilon &\leq 0 \\ F^T &= 1480,3 \varepsilon^2 & 0 < \varepsilon < 0,033 \\ F^T &= 37,5 \varepsilon - 0,2375 & \varepsilon \geq 0,033 \end{aligned} \quad [22]$$

4.5. ESCALAMIENTO

Todas las ecuaciones desarrolladas anteriormente son funciones normalizadas para describir la capacidad de generación de fuerza dinámica de la unidad músculo-tendón. Esto significa que se cuenta con gráficas adimensionales las cuales pueden ser fácilmente escalables para que, de este modo, representen a cada músculo de interés, al incorporar parámetros fisiológicos que caracterizan las propiedades musculares individuales. Gracias a esta particularidad es que los modelos basados en Hill permiten generalizar ecuaciones para todo el conjunto de músculos escalando las distintas relaciones a partir de coeficientes fisiológicos.

Este modelo propuesto permite representar las propiedades musculares por medio de curvas adimensionales de Fuerza-Longitud (pasiva y activa) y una curva adimensional Fuerza-Velocidad. Los parámetros fisiológicos que se utilizarán son la fuerza muscular máxima, F_0^M , la longitud óptima de la fibra muscular, l_0^M , la longitud del tendón en tensión, l_s^T , y el ángulo de penetración a la longitud óptima de la fibra muscular, α_0 .

Tabla 9: Parámetros fisiológicos para los músculos analizados:

	Bíceps	Tríceps	Braquiorradial
l_O^M [m]	0,14	0,0877	0,2703
l_S^T [m]	0,2295	0,1696	0,0604
F_O^M [N]	427,335	839,25	101,58
α_O [rad]	0,0873	0,2618	0,1745

Datos extraídos de (122)

La longitud óptima de la fibra, la longitud de la holgura del tendón y el ángulo de penetración se miden a partir de cadáveres para los que Yamaguchi et al. (1990) han resumido los resultados de muchos estudios para una gran cantidad de músculos en el cuerpo humano.

Por otra parte, diversos estudios han demostrado (123) (124) que las longitudes óptimas de la fibra aumentan a medida que disminuye la activación. Esta relación se incorpora a nuestro modelo muscular usando la siguiente relación desarrollada en (107)

$$l_O^M(t) = l_O^M(\lambda(1 - a(t)) + 1) \quad [23]$$

Donde λ es el cambio porcentual del largo óptimo de la fibra (fijado experimentalmente a todos los músculos y voluntarios en 0,15), $a(t)$ es el nivel de activación en ese momento t , l_O^M es el largo óptimo de la fibra al nivel máximo de activación, y $l_O^M(t)$ representa el largo óptimo de fibra en el instante t para el nivel de activación $a(t)$.

Otro parámetro que puede considerarse es la velocidad máxima de contracción de la fibra muscular, V_O^M . Esta es diferente tanto para las fibras musculares de contracción rápida como para las de contracción lenta. En (125) se ha visto que V_O^M podría variar dependiendo del porcentaje relativo de cada tipo de fibras que se activen en cada músculo. Los porcentajes de mezcla de fibras enumerados podría ser un buen punto de partida, pero es sabido que las personas tienen diferentes relaciones de fibras de contracción rápida y contracción lenta, es por esto que este último parámetro será considerado para optimizar. Se utiliza entonces una relación encontrada en (2)

$$V_O^{MT}(t) = 2 l_O^M(t) (1 + 4 \beta) \quad [24]$$

En donde la velocidad máxima de acortamiento V_O^{MT} se expresa en relación a la longitud óptima del músculo $l_O^M(t)$ para cada instante de tiempo t y al porcentaje de fibras rápidas β .

En definitiva, estos últimos dos parámetros óptimos que varían en función del tiempo serán los que se empleen para cada instante t con el objetivo de escalar.

En resumen, el escalamiento queda definido de la siguiente forma:

$$\bar{F}^M = \frac{F^M}{F_O^M} \quad [25]$$

$$\bar{L}^M = \frac{L^M}{L_O^M} \quad [26]$$

$$\bar{V}^M = \frac{V^M}{V_O^M} \quad [27]$$

donde \bar{F}^M , \bar{L}^M y \bar{V}^M son la fuerza, la longitud y la velocidad de contracción respectivamente en su forma normalizada, y F^M , L^M y V^M son la fuerza (Newtons [N]), la longitud (metros [m]) y la velocidad de contracción en $\left[\frac{m}{s}\right]$ respectivamente. A modo de simplificación se asume que siempre que se haga referencia a estas variables se referirá a su versión normalizada, por lo que se omite el uso del símbolo “-”.

4.6. MODELO PROPUESTO

Una vez que los parámetros fisiológicos son combinados con el modelo de Hill, se puede observar que la fuerza desarrollada por el elemento músculo-tendón se encuentra en función de diversos parámetros, lo cual se puede representar de la siguiente forma,

$$F^{MT} = (\theta, t) = f(a, l^{MT}, V^{MT}, F_O^M, l_O^M, l_S^T, \alpha_O) \quad [28]$$

Esto es, la fuerza músculo-tendón es una función de la activación del músculo-tendón, a , longitud, l^{MT} y velocidad, V^{MT} . Todas estas variables varían tanto en función del tiempo y son las entradas al modelo músculo-tendón. A su vez, l^{MT} y V^{MT} también varían en función de la posesión angular, θ , tal como se discutió anteriormente. La ecuación [28] muestra que la fuerza muscular también depende de parámetros musculoesqueléticos que generalmente se supone que no cambian. Estos son la fuerza muscular isométrica máxima (F_O^M), la longitud óptima de la fibra (l_O^M), la longitud del tendón en tensión (l_S^T) y el ángulo de penetración a la longitud óptima de la fibra (α_O). Esta función es compleja y altamente no lineal. Implica no solo a las relaciones de fuerza-longitud y fuerza-velocidad, sino que también la fuerza en el músculo debe calcularse de modo que iguale a la fuerza en el tendón (ecuación [11]).

Dado que las funciones de fuerza del músculo-tendón son ecuaciones diferenciales no lineales y las entradas del modelo son señales discretas, las ecuaciones deberían integrarse numéricamente a fin de encontrar una solución. Diversos trabajos (3), (107) utilizan un algoritmo de Runge-Kutta-Fehlberg. El método presentado en (3) se utilizó para estimar la longitud y las velocidades iniciales de la fibra muscular. En cada instante de tiempo, se determinó la longitud de la fibra de manera que se garantizó

el equilibrio dinámico con la fuerza del tendón y se proporcionó una única solución para la ecuación [11]. Este proceso de integración consume mucho tiempo computacional, y en la práctica presentó diversos problemas para su implementación debido al elevado tiempo que consumiría realizar este proceso durante las evaluaciones del algoritmo genético, durante el proceso de optimización, y a la falta de fiabilidad en los resultados obtenidos. Es por esto que, para reducir el tiempo computacional y evitar la integración numérica, en este trabajo se desarrolló un método alternativo basado en el uso del modelo de tendón infinitamente rígido (4). En este modelo, F^{MT} depende solo de L^M porque L^T se lo fija a la longitud del tendón en tensión L_S^T . De este modo, F^M (y F^{MT}) podrían calcularse simplemente usando [19], y debido a que los valores instantáneos de L^{MT} y $\alpha(t)$ son conocidos, y si L^T es constante, entonces L^M puede calcularse como,

$$l^M(t) = \sqrt{\left(l_0^M(t) \sin(\alpha)\right)^2 + \left(l^{MT}(\theta) - l_S^T\right)^2} \quad [29]$$

Y a su vez V^{MT} , tal como se explicó, puede calcularse diferenciando en el tiempo a L^{MT} (ecuación [18]).

Finalmente, una vez que se obtiene la fuerza para cada uno de los músculos y sus correspondientes brazos de palanca, $R(\theta)$, son calculados, la contribución al par en la articulación puede ser encontrada por multiplicación.

$$\tau^M = F^M * R(\theta) \quad [30]$$

Realizando esto para cada músculo, el par total quedará determinado por la sumatoria de todas las contribuciones de los pares.

$$\tau_{modelo} = \sum_{i=1}^m \tau_i^M = \sum_{i=1}^m F_i^M * R_i(\theta) \quad [31]$$

4.6.1. GANANCIA LINEAL

En el presente trabajo se añadió un factor de ganancia lineal que pretende compensar el hecho de que sólo un músculo representativo se utilizó para estimar la actividad muscular total sobre la articulación. Esta ganancia fue introducida en el modelo bajo la hipótesis de que la relación entre el par realizado por el exoesqueleto y aquel efectivamente hecho por la articulación del usuario tiene un comportamiento lineal en donde se produce un escalamiento y una translación en el eje de ordenadas. Sin este factor, el modelo no alcanza la generalización necesaria y falla al estimar el par cuando la actividad muscular es más elevada.

$$\tau_{TOTAL} = 100 (c_1 \tau_{modelo} + c_0) \quad [32]$$

Para determinar los coeficientes iniciales de ganancia lineal se procedió de manera experimental. Se saca un factor común de 100 con el objetivo de igualar la escala de estos coeficientes con los del resto para que puedan ser utilizados con la herramienta de optimización de Algoritmos Genéticos.

4.6.2. METODOLOGÍA

Se puede entonces resolver el modelo Músculo-Tendón a partir de las ecuaciones anteriores, y realizar la siguiente metodología para encontrar el par estimado:

- Registro de la señal de EMG, filtrado digital, y estimación del nivel de activación neural, $u(t)$.
- Registro en simultaneo de la posición angular y velocidad angular por parte del exoesqueleto.
- Cálculo del nivel de activación muscular, $a(t)$, a partir de [3].
- Obtenidos los valores de posición y velocidad angular se utilizan las ecuaciones [9], [10] y [18] para obtener $L^{MT}(\theta)$, $R(\theta)$ y $V^{MT}(\theta)$ respectivamente.
- Cómputo del largo óptimo $l_O^M(t)$ en función del nivel de activación $a(t)$ a través de [23].
- Cálculo de la velocidad del elemento contráctil a un nivel de activación máximo, $V_O^{MT}(t)$ utilizando [24] para poder determinar la relación Fuerza-Velocidad a través de [17].
- Utilizando el modelo de tendón infinitamente rígido, se puede determinar entonces la longitud del músculo $l^M(t)$ por medio de [29].
- Se calcula la relación Fuerza-Longitud del elemento activo $F_A(l)$ usando [17].
- La fuerza realizada por el elemento activo F_A^M es determinada utilizando [13].
- Cálculo de la fuerza realizada por el elemento pasivo del músculo F_P^M a través de [15], determinando primero la relación Fuerza-Longitud del elemento pasivo $F_P(l)$ a través de [16].
- Ahora, a partir de [12] podemos determinar cuánto es la fuerza realizada por la unidad Músculo-Tendón.
- A partir de la fuerza muscular se puede calcular el par realizado por el músculo utilizando [30].
- Se repite la metodología para cada músculo que se considere y luego se determina el par del modelo a través de [31].
- Finalmente se corrige el par obtenido por medio de la ganancia lineal [32], determinando de este modo el par total.

A modo de ejemplo se puede graficar la fuerza a la salida del modelo Músculo-Tendón, es decir la ecuación [30], considerando el nivel de activación constante en 1, y graficando para todos los valores de longitud y velocidad muscular, que corresponden a la entrada del modelo, obteniendo una gráfica tridimensional representada en la Imagen 103. El nivel de activación muscular, $a(t)$, realizará un escalamiento de dicha superficie.

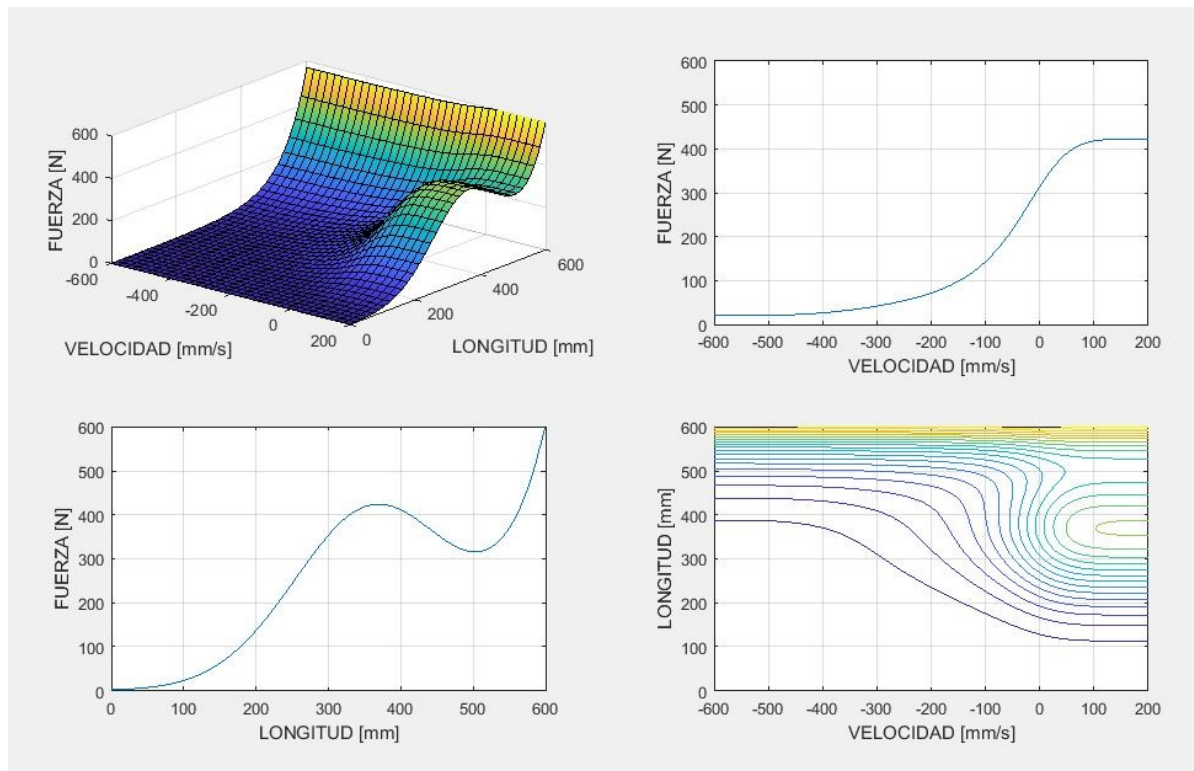


Imagen 103: Fuerza como una función de la longitud y velocidad muscular utilizando los parámetros iniciales no optimizados. El nivel de activación se lo deja constante en 1. Los dos cortes transversales son para $L=360\text{mm}$, y $V=400\text{mm/s}$.

Dadas las consideraciones y limitaciones que se le impusieron al modelo, podemos identificar dieciséis parámetros sensibles a ser optimizados, los cuales se los representa en las ecuaciones anteriores de color **rojo**, para cada músculo que se considere y dos parámetros adicionales para cada voluntario correspondientes al factor de ganancia. Considerando tres músculos para el movimiento se tienen cincuenta parámetros por voluntario. Se puede entonces formar un vector de cincuenta elementos, que llamaremos cromosoma manteniendo la nomenclatura de los Algoritmos Genéticos. En la Tabla 10 se resumen los dieciséis parámetros que intervienen en el modelo y los dos parámetros adicionales correspondientes a la ganancia. Se tiene entonces a continuación, para un voluntario en particular, los valores nominales para las constantes que representan el factor de escala, los valores iniciales definidos para cada parámetro y los valores límites utilizados para el cromosoma que será utilizado por la herramienta de Algoritmos Genéticos.

Tabla 10: Vectores de parámetros iniciales de entrada y los límites que el parámetro puede alcanzar, para cada músculo de un paciente de ejemplo:

<i>VOLUNTARIO FBL0711</i>	Límite inferior	Límite superior	Vector de parámetros iniciales		
			Bíceps	Braquiorradial	Tríceps
<i>A</i>	0,05	0,99	0,99	0,99	0,99
$L_O^M = x * L_O^M nom [m]$	0,8	1,2	1	1	1
$L_S^T = x * L_S^T nom [m]$	0,8	1,2	1	1	1
$\alpha = x * \alpha nom [rad]$	0,8	1,2	1	1	1
$F_O^M = x * F_O^M nom [N]$	0,5	1,5	1	1	1
β	0,25	0,75	0,55	0,75	0,65
φ_M	-0,1	0,1	0,1	0,1	0,1
φ_V	0,07	0,8	0,5	0,5	0,5
$a_0 [m]$	-3	3	0,0816	0,0184	0,0874
$a_1 \left[\frac{m}{rad}\right]$	-3	3	0,0416	0,0448	0,0327
$a_2 \left[\frac{m}{rad^2}\right]$	-3	3	0,008	0,0303	-0,0269
$a_3 \left[\frac{m}{rad^3}\right]$	-3	3	-0,003	-0,0084	0,0037
$b_0 [m]$	-3	3	0,0131	-0,0136	-0,022
$b_1 \left[\frac{m}{rad}\right]$	-3	3	0,0171	0,077	-0,0187
$b_2 \left[\frac{m}{rad^2}\right]$	-3	3	0,0098	-0,0284	0,023
$b_3 \left[\frac{m}{rad^3}\right]$	-3	3	-0,0067	0,0038	-0,0063
c_0	-1	1	0,2		
c_1	-5	10	0,25		

5. OPTIMIZACIÓN DE PARÁMETROS

Para el proceso de optimización se determinó una función costo ε (ecuación [33]) mediante el cálculo del error cuadrático medio (RMS) entre el par obtenido mediante [32] y el par obtenido por medio de las simulaciones mecánicas, el cual fue utilizado como par de referencia ya que se obtiene por medio de las ecuaciones dinámicas del exoesqueleto utilizando los mismos registros de posiciones y velocidades angulares utilizadas por el modelo.

$$\varepsilon = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{n=1}^N |\tau_{total}[n] - \tau_{ORTE}[n]|^2} \quad [33]$$

El software necesita como parámetros de entrada la trayectoria realizada por el exoesqueleto y las propiedades de masa del objeto a simular. Dentro de estas últimas se incluyen tanto los parámetros del exoesqueleto como los parámetros del brazo del voluntario. Los primeros son parte del diseño del mismo, mientras que los que se corresponden a los sujetos de prueba son medidas antropométricas las cuales se resumen en el Anexo C.

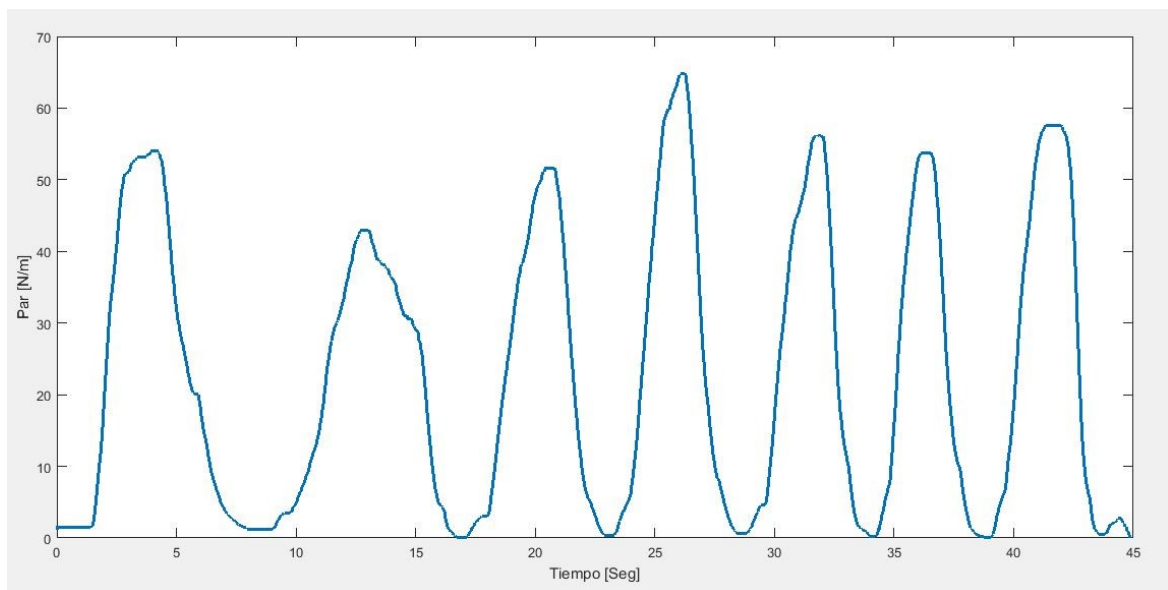


Imagen 104: Ejemplo de Momento obtenido por medio de las ecuaciones dinámicas de ORTE.

Definida la función costo ε es posible aplicar el método de optimización elegido. Como ya se explicó, los Algoritmos Genéticos son métodos de adaptación que pueden ser utilizados para implementar búsquedas y solucionar problemas de optimización. Si un problema es factible de ser representado por un conjunto de parámetros (conocidos como **genes**), éstos pueden ser unidos para formar una cadena de valores (**cromosoma**). El cromosoma es definido como el conjunto de variables a ser optimizada para minimizar una función dada, llamada función costo (**función fitness**). En cada iteración del método

(*generación*), la población de cromosomas N se combina (*crossover*) y se modifica (*mutación*) para generar una nueva población con N individuos nuevos (*cromosomas*). Las mutaciones y crossovers, así como la generación de nueva población, se pueden hacer con diferentes métodos, dependiendo del tipo de cromosoma utilizado (binario, entero, punto flotante, etcétera) y dependiendo del tipo de evaluación que se realice. Estas iteraciones continúan (*evolución*) hasta que se alcanza un criterio de finalización dado, que puede ser el número máximo de generaciones, cuando cierto valor presente convergencia, etcétera.

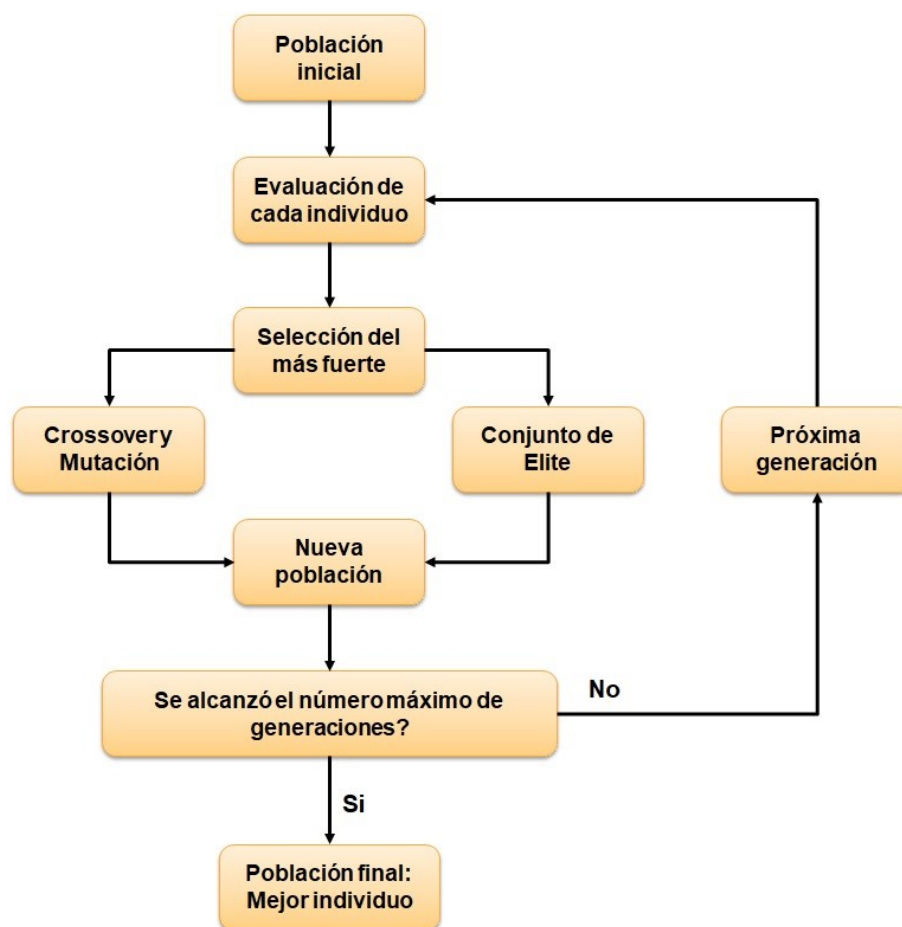


Imagen 105: Diagrama de flujo de la evolución del Algoritmo Genético.

Definido el cromosoma $x(i)$ compuesto por cincuenta valores, cada uno correspondiente a cada valor inicial declarado para cada parámetro, fue realizada la evolución en MATLAB® utilizando la herramienta “Genetic Algorithms” del “Global Optimization Toolbox”. Para esto, se configuraron las opciones dentro de la herramienta, resumidas en la siguiente tabla.

Tabla 11: Resumen de opciones configuradas en la herramienta de optimización de Algoritmos Genéticos:

	Tipo/Valor	Significado
Función de generación	uniforme	Función que genera los nuevos individuos de la población a iterar
Tamaño de población	50	Número de individuos de la población de cada generación.
Tipo de Cromosoma	Punto flotante	Se determina el tipo de número que serán los coeficientes que el algoritmo busque.
Tipo de selección	ruleta	Función que selecciona los individuos que generarán la próxima generación.
Conjunto de elite	5	Número de individuos no modificados que serán utilizados en la próxima generación.
Factor de crossover	0,8	Porcentaje de la población que será generado a partir de crossover.
Función de crossover	Heurística	Función que genera individuos creados a partir de la combinación de los anteriores.
Tipo de mutación	Adaptativa	Como serán hechas las pequeñas alteraciones aleatorias para la próxima generación.
Número de generación	500	Número de iteraciones en el proceso de evolución.

El código en MATLAB® utilizado para ejecutar la herramienta del toolbox fue el siguiente:

```
%Algoritmo Genetico:
options =
gaoptimset('PopulationType','doubleVector','PopInitRange',[1;N]);
ngen = 500; %número de generaciones
%Definiendo los parametros del AG:
% options = gaoptimset(options,'InitialPopulation', PopIni);
options = gaoptimset(options,'PopulationSize', 50);
options = gaoptimset(options,'SelectionFcn', @selectionroulette );
options = gaoptimset(options,'EliteCount', 5);
options = gaoptimset(options,'CrossoverFraction', 0.8);
options = gaoptimset(options,'ParetoFraction', 0.7);
options = gaoptimset(options,'CrossoverFcn', @crossoverheuristic);
options = gaoptimset(options,'MutationFcn',@mutationadaptfeasible);
options = gaoptimset(options,'Generations', ngen);
options = gaoptimset(options,'StallTimeLimit', inf);
options = gaoptimset(options,'StallGenLimit', inf);
[x, fval, exitflag, output, final_pop] = ga(@modelo_de_hill, N, [],
[],[], [], Rmin, Rmax, [], options);
```

CAPÍTULO 4:

RESULTADOS

En este capítulo se analizan los resultados obtenidos al aplicar la metodología propuesta para resolver el modelo Músculo-Tendón descrito al final del capítulo anterior. A su vez se estudian los resultados que se obtienen luego del proceso de optimización por medio de Algoritmos Genéticos.

Pese a que los resultados obtenidos, al utilizar para todos los voluntarios los mismos valores iniciales para los cuarenta y ocho coeficientes de los músculos de cada voluntario, fueron para nada despreciables en la mayoría de los casos, la incorporación de un método de optimizado hizo que el desempeño del modelo sea sustancialmente más robusto.

A lo largo de las pruebas realizadas, se encontró que sutiles cambios en los valores de los coeficientes, particularmente los referidos a los polinomios establecidos para representar las relaciones entre la posición angular y la longitud muscular y entre la posición angular y el brazo de palanca, provocan grandes variaciones a la salida. Antes de determinar los valores iniciales por medio de la interpolación polinómica de Lagrange fue imposible lograr la convergencia de la función costo al momento de optimizar.

Cabe remarcar que el proceso de optimización es un proceso que consume un tiempo considerable. Utilizando un ordenador portátil con un procesador i5 a 2,3 GHz y 6 GB de RAM, el procesado de cada voluntario demoró en promedio unos 15 minutos. Este dato no es menor si se desea realizar el proceso durante una sesión de fisioterapia, ya que este proceso entraría en la etapa que puede denominarse de “calibración”.

Si bien en el ANEXO F: Par sin optimizar vs. Par optimizado se pueden observar las gráficas obtenidas, en donde se compara el par de referencia con el par obtenido por el modelo tanto antes de optimizar como luego del proceso de optimizado, a continuación, en la Imagen 106 se observan algunas de las mismas en donde se pone de manifiesto la mejora sustancial obtenida mediante la incorporación de los Algoritmos Genéticos. Note como en algunas gráficas la mejora es casi imperceptible, al parecer solo un ajuste de escala, o un mejor “contorneo” de la curva de referencia. Pero en otras la diferencia es notoria, al punto de cambiar completamente la forma de la gráfica. Es interesante remarcar que el proceso de optimizado considera el conjunto total de la señal, y no realiza mejoras punto por punto, haciendo que los resultados que brindan los Algoritmos Genéticos sean más sorprendentes aún.

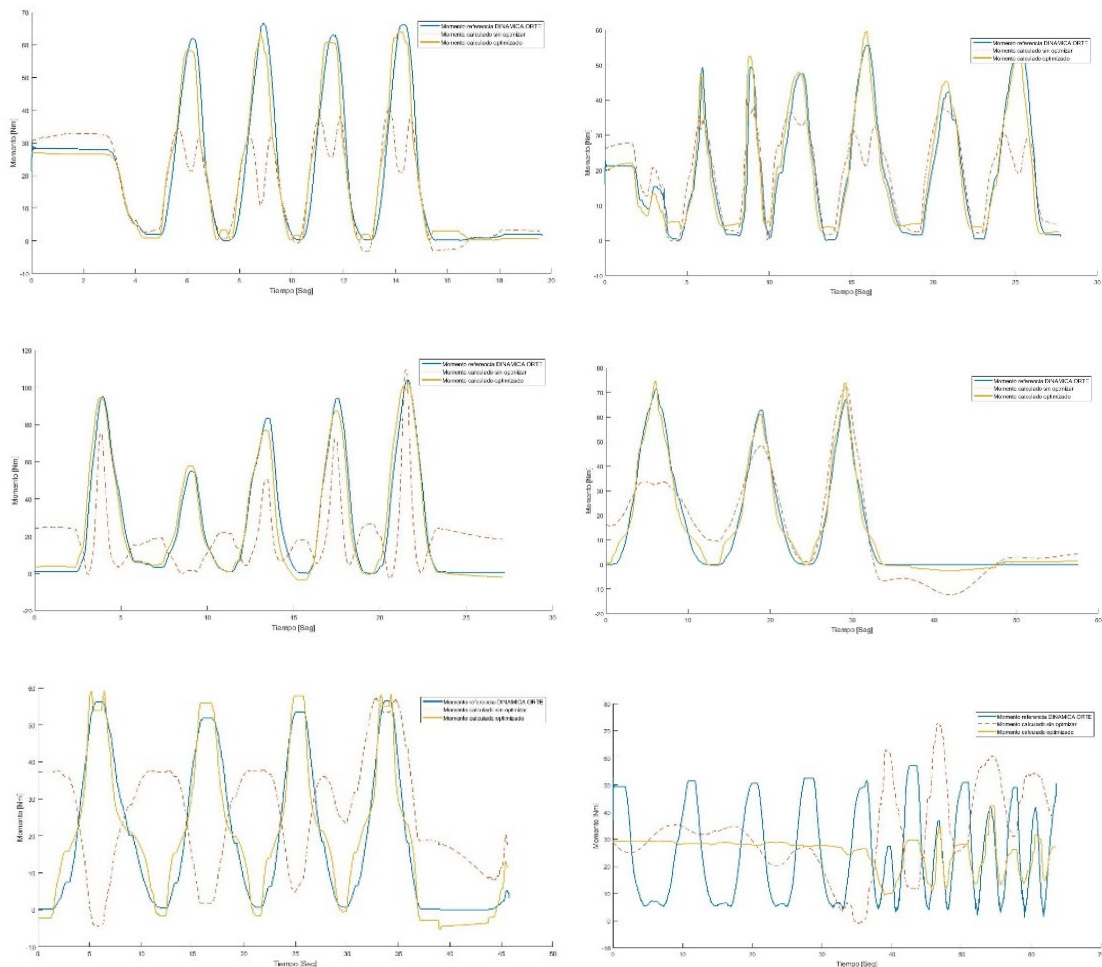


Imagen 106: Gráficas de algunos de los resultados obtenidos. En Azul: Par de referencia. Línea de trazos: Par obtenido con el modelo sin optimizar. En Amarillo: Par obtenido con el modelo optimizado.

Observe que, en la imagen anterior, se incluye abajo a la derecha los resultados del voluntario N° 11, el cual presentó el peor desempeño. Se cree que el problema radicó en la captación de la posición angular por parte de ORTE®, ya que las curvas obtenidas en las simulaciones mecánicas no presentaban correlación con las señales de EMG ni con las curvas de posición de entrada, hecho que si sucedió en el resto de voluntarios. Se considera entonces como valor atípico por lo que es descartado del proceso estadístico que se explicará a continuación.

Para poder cuantificar los resultados, más allá de la apreciación visual de las gráficas, se recurrió al uso de tres métodos estadísticos que brindan información sobre qué tan similares resultaron las curvas del modelo con respecto al par de referencia obtenido a través de las ecuaciones dinámicas de ORTE®. Dichos métodos corresponden al cálculo de error cuadrático medio (RMS); Porcentaje de Tiempo, η_s ; y al coeficiente de correlación de Pearson, ρ . En todos los casos se calculó para cada voluntario y luego se obtuvo la media y la desviación estándar de los resultados.

Se determina el método estadístico denominado Porcentaje de Tiempo el cual es, como su nombre indica, el tiempo respecto al tiempo total que el error absoluto estuvo por debajo de cierto umbral s . Se realizaron mediciones para 1 Nm, 5 Nm, y 10 Nm, tanto para el par obtenido con los valores iniciales de coeficientes, como para el par obtenido luego del proceso de optimización.

$$\eta_s = \frac{\sum_{i=1}^M |\tau_{modelo} [i] - \tau_{ORTE} [i]| < s}{N} \quad [34]$$

Este estimador se podría interpretar como el porcentaje respecto del tiempo total que las curvas estuvieron próximas entre sí.

El coeficiente de correlación de Pearson, ρ , es una medida de la relación lineal entre dos variables aleatorias cuantitativas. Se puede definir como un índice que puede utilizarse para medir el grado de relación de dos variables, en nuestro caso podemos medir la relación entre la curva de par calculada por el modelo propuesto y el par obtenido por medio de las ecuaciones dinámicas de ORTE®.

$$\rho = \frac{\sigma_{\tau_{modelo}, \tau_{ORTE}}}{\sigma_{\tau_{modelo}} \sigma_{\tau_{ORTE}}} \quad [35]$$

La correlación entre dos variables es perfectamente positiva ($\rho = 1$) cuando en la medida que aumenta una de ellas la otra también lo hace en proporción constante. Esta situación indica una dependencia total entre las dos variables denominada relación directa. Por otro lado, habrá una correlación perfectamente negativa ($\rho = -1$), cuando en la medida que una de ellas aumente, la otra disminuirá en proporción constante, situación en donde también habrá una dependencia total entre las dos variables, pero en este caso inversa.

En la siguiente tabla se resumen los resultados obtenidos utilizando los nombrados métodos estadísticos para el conjunto de señales sin optimizar y el conjunto de señales optimizadas.

Tabla 12: Resultados obtenidos:

	Sin Optimizar	Optimizado
<i>RMS [Nm]</i>	13,12 ± 7,80	4,02 ± 1,47
<i>ρ</i>	0,67 ± 0,58	0,98 ± 0,02
<i>η₁₀</i>	0,59 ± 0,31	0,96 ± 0,05
<i>η₅</i>	0,39 ± 0,26	0,83 ± 0,11
<i>η₁</i>	0,13 ± 0,13	0,30 ± 0,13

Analizando la tabla, es significativa la mejor que sufren las señales respecto al error cuadrático medio, se reduce a un tercio el valor promedio y disminuye considerablemente la dispersión. Por otra parte, se pasa de una relación positiva moderada con una dispersión enorme a una fuerte relación positiva próxima a 1 si casi dispersión. Finalmente se observa que antes de optimizar en el 60% del tiempo, con una dispersión del 30%, las señales se encontraban a una distancia menor de 10 Nm, mientras que luego de optimizar durante el 96% del tiempo, con una dispersión del 2%, las señales se encontraban debajo de ese umbral. Analizando para el caso de 5 Nm se observa una mejora similar, en donde se pasa de casi un 40% a un 83% del tiempo, en ambos casos con una dispersión similar. Para el análisis de 1 Nm, se pasó de un 13% a un 30% del tiempo total, con la misma dispersión.

El resultado de los Algoritmos Genéticos en el proceso de optimización puede ser representado gráficamente como a continuación. Se buscará representar en una primera imagen los valores asignados a todos los coeficientes de todos los voluntarios antes del proceso de optimización y luego una segunda imagen después de aplicar los Algoritmos Genéticos. Para esto se asigna a cada uno de los valores límite mínimo de los coeficientes un valor de 0, que corresponderá al color negro, mientras que a los valores límite máximo se le asigna un 1, correspondiente al color blanco. Dentro de dicho rango se asignan 255 valores intermedios de grises. Luego se determina qué porcentaje representa el valor asignado al coeficiente mediante la siguiente ecuación:

$$Porcentaje = \frac{valor_{max} - valor}{valor_{max} - valor_{min}} \quad [36]$$

En la Imagen 107 se representan los cincuenta coeficientes de cada uno de los trece voluntarios, dieciséis correspondientes a cada uno de los músculos, es decir bíceps, braquiorradial y tríceps, y dos correspondientes a la ganancia K. Nótese que se utilizaron para todos los voluntarios los mismos valores de coeficientes de músculos mientras que los coeficientes de ganancia fueron asignados de forma experimental, haciendo que no presenten un color homogéneo a lo largo de todos los voluntarios.

Luego del proceso de optimización, los Algoritmos Genéticos determinan para cada voluntario el *cromosoma*, es decir el conjunto de cincuenta coeficientes, que mejor se ha adaptado luego de 500 iteraciones. En la Imagen 108 se tiene una impresión de cómo varían los valores asignados de la imagen anterior, donde cada coeficiente tenía asignado para todos los voluntarios un color homogéneo.

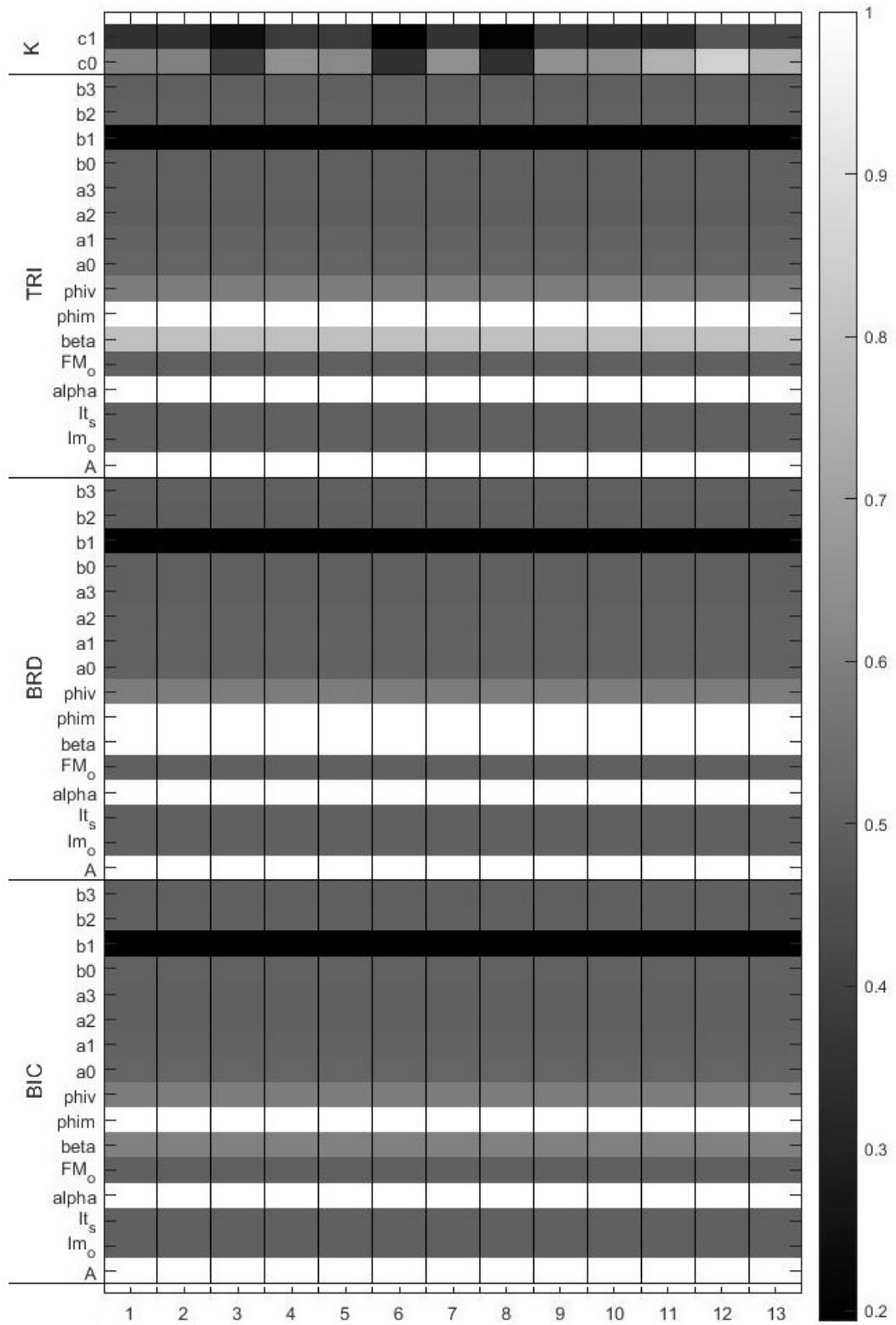


Imagen 107: Representación gráfica de los valores iniciales de los coeficientes de los trece voluntarios.

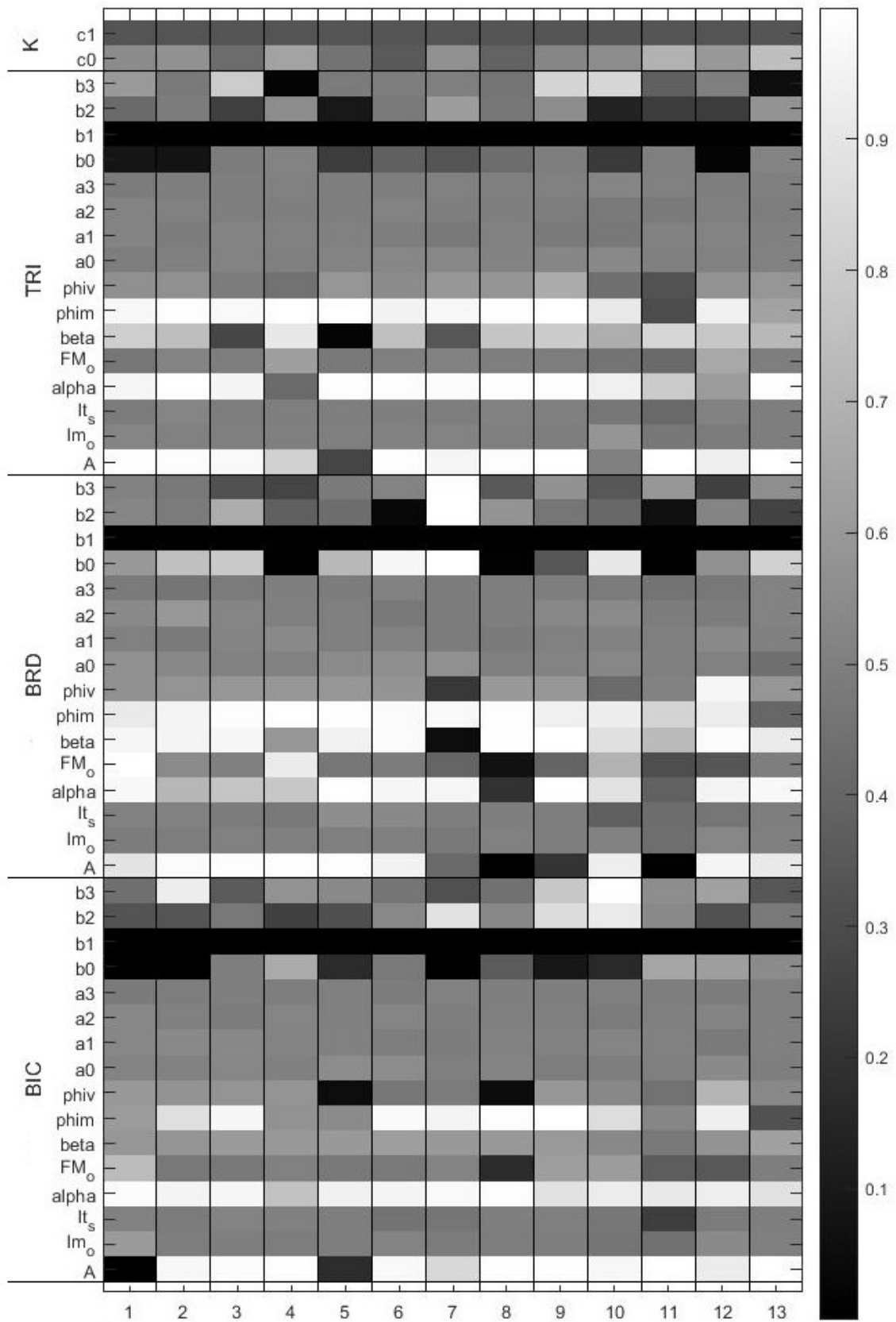


Imagen 108: Representación gráfica de los valores de los coeficientes luego del proceso de optimizado de los trece voluntarios.

CAPÍTULO 5:

CONCLUSIONES

En el presente trabajo la fuerza muscular fue modelada a partir de EMG de superficie y de datos cinemáticos obtenidos a través del exoesqueleto ORTE® con el fin de poder estimar el par articular durante la flexoextensión del codo de voluntarios sanos. El modelo fue validado por medio del par obtenido a través de las simulaciones mecánicas, al utilizar las trayectorias registradas por ORTE® durante las sesiones de pruebas propuestas.

El modelo desarrollado en el presente trabajo ofrece una forma alternativa de estimar el par que el usuario del exoesqueleto realiza sobre la articulación de su brazo, brindándole a ORTE® un nuevo parámetro para ser utilizado en su sistema de control y de toma de decisiones.

Se determinaron un total de cincuenta parámetros para cada voluntario los cuales fueron los que se optimizaron por medio de los Algoritmos Genéticos. La incorporación de dichos algoritmos para la optimización de los parámetros brindó mejoras sustanciales a los resultados. Si bien el modelo planteado es un modelo fenomenológico que no busca reproducir con exactitud los fenómenos fisiológicos involucrados, el hecho de que se pueda encontrar el mejor valor para cada parámetro dentro de un rango específico permite que el modelo siga teniendo fundamento fisiológico.

Si bien se buscó la incorporación del tendón dentro del modelo, dado que las funciones de fuerza del músculo-tendón son ecuaciones diferenciales no lineales y las entradas del modelo son señales discretas, las ecuaciones debían integrarse numéricamente a fin de encontrar una solución. Se realizó un intento de resolverlas por medio del algoritmo de Runge-Kutta-Fehlberg, pero se consideró que dicho estudio excedía el alcance del presente proyecto. Este proceso de integración además consume mucho tiempo computacional, por lo que en el caso de implementarlo hay que prestar especial atención en su uso junto con los Algoritmos Genéticos, ya que durante el proceso de evaluación de estos últimos el tiempo requerido aumentaría sustancialmente. Es por esto que en este trabajo se desarrolló un método alternativo basado en el uso del modelo de tendón infinitamente rígido (4).

La decisión de establecer la relación entre la posición angular y el largo muscular, como de la posición angular y el brazo de palanca a partir de gráficas encontradas en la bibliografía e interpolar los datos de las mismas por medio de la interpolación polinómica de Lagrange, potenció los resultados obtenidos y mejoró notoriamente el desempeño de los Algoritmos Genéticos.

Se presentó una recopilación bibliográfica de los conceptos fundamentales de las propiedades, mecánica de la contracción y el modelado muscular. La profundidad con la que se analiza cada aspecto

se estimó necesaria para el completo entendimiento de los aspectos intervinientes en el presente proyecto. El estudio del estado del arte realizado en este trabajo se considera que sienta bases sólidas para futuros trabajos en donde se busque modelar la fuerza muscular.

Para validar el protocolo experimental propuesto se realizó la medición en 13 personas que prestaron su consentimiento voluntariamente., realizando dos sesiones de medición cada uno en donde en una se registró el movimiento de flexoextensión del codo, mientras que en la segunda sesión se registró la MCV que el usuario podía realizar.

Se estudiaron tres alternativas para el suavizado de las señales de EMG, donde por las necesidades del modelo y además considerando que el análisis iba a ser realizado “*offline*”, se terminó decantando por el método de RMS. En caso de buscar realizar el modelado en tiempo real, es decir “*online*”, se debería elegir un método como por ejemplo un filtro digital Butterworth.

Se considera que este trabajo puede ser mejorado y extendido de las siguientes formas:

- Estudiar el desempeño del modelo en pacientes patológicos, prestando atención de que los mismos no podrían realizar las sesiones de MCV, con el fin de normalizar las señales de EMG, por lo que se deberían analizar nuevas alternativas.
- Ampliar el número de músculos sensados, con el objetivo de minimizar el error obtenido evitando que se subestimen las mediciones.
- Permitirle al modelo un funcionamiento “*online*” que le permita operar durante las sesiones de fisioterapia.
- Estudiar el uso de electrodos de aguja, y analizar si por los resultados que se podrían obtener se justifica su implementación.
- Continuar el estudio analizando más movimientos, y estudiar los resultados que se obtienen al combinar diferentes movimientos, en donde intervengan diversos músculos en simultaneo.
- Realizar un estudio y desarrollar un método de sensado de EMG propio, que permita ser incorporado al modelo comercial del exoesqueleto, sea económico y escalable para su producción en masa.
- Buscar reducir el número de coeficientes para optimizar con el fin de poder reducir el tiempo computacional de optimización y aumentar la probabilidad de convergencia de la función costo.
- Estudiar alternativas de optimización, que ofrezcan los mismos o mejores resultados, y que reduzcan los tiempos requeridos.
- Incorporar el modelo al sistema de control del exoesqueleto.

BIBLIOGRAFÍA

1. deportes Csd. Biomecánica de la fuerza muscular y su valoración. 21st ed. Cultura MdEy, editor. Madrid; 1999.
2. Cavallaro EE,RJ,PJC,&BS. Real-Time Myoprocessors for a Neural Controlled Powered Exoskeleton Arm. IEEE Transactions on Biomedical Engineering. 2006 November; 53(11).
3. Buchanan TS,LDG,MK,&BTF. Neuromusculoskeletal modeling: estimation of muscle forces and joint moments and movements from measurements of neural command. Journal of applied biomechanics, 20(4).; 2004.
4. Sartori M,RM,vdBAJ,&LDG. Estimation of musculotendon kinematics in large musculoskeletal models using multidimensional B-splines. Journal of biomechanics, 45(3).; 2012.
5. Ramos JL. Controle de Torque de um Exoesqueleto Atuado por Músculos Pneumáticos Artificiais Utilizando Sinais Eletromiográficos. TESIS DE MAESTRIA. Rio de Janeiro: Pontificia Universidade Católica de Rio de Janeiro, Departamento de Mecânica; 2013.
6. Pérez F A DMAJyAJC. Modelo bio mecanico de la generacion de fuerza muscular en condiciones isométricas y tetánica. Archivos Venezolanes de Farmacología y Terapéutica. 2008; 27(1).
7. Freriks B&HHJ. SENIAM 9: European Recommendations for Surface ElectroMyoGraphy. SENIAM project, Roessingh Research and Development b.v.; 1999.
8. Tortora GDB. Principios de Anatomía y Fisiología. 13th ed.: Panamericana; 2013.
9. Moore KAA. Fundamentos de anatomía: con orientación clínica. 2nd ed.: Panamericana; 2003.
10. Kapandji AI. Fisiología Articular. Tomo I. 6th ed.: Panamericana; 2012.
11. Netter F. Atlas de Anatomía Humana.. 6th ed.: Elsevier.
12. Tresguerres J. Fisiología Humana. Tercera edición ed.: McGraw-Hill, Aravaca.; 2005.
13. Biswas SV&LR. Lo Esencial en Sistema Musculo esquelético España: Editorial Harcourt Brace; 1999.
14. Nordin M&FVH. Biomecanica Basica del Sistema Musculo esqueletico. 3rd ed. Madrid: McGraw-Hill; 2005.

15. ASEM FEENAAFcIM. El Músculo Esquelético. ; 2003.
16. Epstein M&HW. Theoretical Models of Skeletal Muscle Biological and Mathematical Considerations New York: Editorial John Wiley & Sons; 1998.
17. Wilmore J&CD. Fisiología del Esfuerzo y del Deporte. Quinta edición ed. Barcelona: Paidotribo; 2004.
18. Winter DA. Biomechanics and Motor Control of Human Movement. Tercera edición ed. USA: John Wiley & Sons, Inc.; 2005.
19. Kim EB,SMB,SB&HLB. Ganong Fisiología Médica. 24th ed. Mexico: McGraw-Hill; 2012.
20. Serpe Anaya DC. Efecto del entrenamiento excéntrico sobre propiedades biomecánicas del tendón de aquiles. Tesis Doctoral. Granada: Universidad de Granada, Departamento de Educación Física y el Deporte; 2012.
21. Barbany JR. Fisiología del ejercicio físico y del entrenamiento. 2nd ed. Barcelona: Editorial Paidotribo; 2002.
22. Amaro Peña, J.. La histología de la inserción tendinosa. Apuntes de Catedra. Cordoba: Facultad de Medicina. Universidad Nacional de Cordoba, Departamento de Ciencias Morfológicas. Area de Hitología.
23. James H&WC. Mechanobiology of tendon. In Journal of Biomechanics.: Elsevier; 2006. p. 1563-1582.
24. Guyton AC&HJE. Tratado de Fisiología Médica. 12th ed. Madrid: Elsevier; 2011.
25. Konrad P. The ABC of EMG. A Practical Introduction to Kinesiological Electromyography. Naroxon U.S.A Inc; 2006.
26. Tortora GH&ERL. Principles of human physiology New York: Harper and Row; 1996.
27. Bodine S,RRR,EEARL,&EVR. Maximal force as a function of anatomical features of motor units in the cat tibialis anterior. In Journal of neurophysiology.; 1987. p. 1730-1745.

28. Bottinelli R, BR, SS, & RC. Unloaded shortening velocity and myosin heavy chain and alkali light chain isoform composition in rat skeletal muscle fibres. In *The Journal of Physiology*.; 1994. p. 341-349.
29. Lutz GJ, & LRL. Studies of myosin isoforms in muscle cells: single cell mechanics and gene transfer. In *Clinical orthopaedics and related research*.; 2002. p. S51-S58.
30. Gollnick PD. Los diferentes tipos de fibras musculares esqueléticas: características, funcionamiento durante el ejercicio y adaptación al entrenamiento. Pullman, Washington, USA: Washington State University, Department of Physical Education for Men.
31. Vázquez LEA. Estudio de las Fuerzas de Interacción. Tesis Doctoral en Ingeniería Biomédica. Barcelona: Universitat Politècnica de Catalunya, Barcelona, Departament d'Enginyeria de Sistemes, Automàtica i Informàtica Industrial; 2013.
32. González Irving AC. Diseño y construcción de un sistema para la detección de señales electromiográficas. TESIS. Yucatan: UADY, Universidad Autónoma de Yucatan, Departamento de Computación; 2010.
33. Martínez JFG. Bioseñales. Tesis de grado. Valencia, España: Universidad de Valencia; 2010-2011.
34. Kuribayashi K, SS, OK & TT. A discrimination system using neural network for EMG-controlled prostheses. Integral type of EMG signal processing. *IEEE/RSJ International Conference*. ; 1993.
35. Laín NM. Reclutamiento de unidades motoras en contracciones concéntricas, isométricas y excéntricas. TESIS DE GRADO. Universidad de Alcalá, Facultad de Fisioterapia, Departamento de Fisioterapia.
36. Reyna MM. Laboratorio de Fisiología. Electromiografía..
37. Osuna S, GJ & IA. Procesado de señales EMG en Trastornos Neuromusculares. TESIS DE MÁSTER EN INGENIERÍA BIOMÉDICA. Universidad de Barcelona.; 2012-2013.
38. Neuman MR. Biopotential Electrodes. *The Biomedical Engineering Handbook*. 2nd ed. Bronzino EJD, editor.: Boca Raton; 2000.
39. Merletti R. *Electromyography - Physiology, Engineering, and Noninvasive Applications* Merletti R, Parker P, editors.: John Wiley & Sons; 2004.

40. Khandpur RS. Biomedical instrumentations. Technology and applications: MacGraw-Hill; 2004.
41. Searle A&KL. A direct comparison of wet, dry and isolating bioelectric recordings electrodes. Tesis de Grado. Sydney, Broadway, NSW, Australia: University of Technology, Departament of Applied Physics; 2007.
42. Merletti R. Standards for Reporting EMG data. In Kinesiology ISoEa. Journal of Elctromyography and Kinesiology,; 1999. p. 3-4.
43. Solnik T. Operator improves the accuracy of EMG onset detection independent of signal-to-noise ratio..
44. Gerdle B,KS,DS&DM. Acquisition, Processing and Analysis of the Surface Electromyogram. Modern Techniques in Neuroscience. Johansson WUa, editor. Berlin: Springer Verlag; 1999.
45. Jensen C,VO&WR. The influence of electrode position on bipolar surface electromyogram recordings of the upper trapezius muscle. European journal of applied physiology and occupational physiology; 1993.
46. Winkel J. & Jørgensen K.. Significance of skin temperature changes in surface electromyography. European Journal of Applied Physiology and Occupational Physiology,; 1999.
47. Hansson G,SU,LB&OK. Electromyographic fatigue in neck/shoulder muscles and endurance in women with repetitive work. ; 1992.
48. McGill SM. Electromyographic activity of the abdominal and low back musculature during the generation of isometric and dynamic axial trunk torque: Implications for lumbar mechanics. Journal of Orthopaedic Research; 1991.
49. Mathiassen SE,WJ&HGM. Normalization of surface EMG amplitude from the upper trapezius muscle in ergonomic studies -- A review. Journal of Electromyography and Kinesiology,; 1995.
50. McGill S&NR. Partitioning of the L4/L5 dynamic moment into disc, ligamentous, and muscular components during lifting. ; 1986.

51. Lehman G&MS. The Importance of Normalization in the Interpretation of Surface Electromyography:A Proof of Principle. *Journal of Manipulative and Physiological Therapeutics*; 1999.
52. Sousa ASP. Surface electromyographic amplitude normalization methods: A review. Porto, Portugal: Escola Superior da Tecnologia de Saúde do Porto, Área Científica de Fisioterapia- Centro de Estudos de Movimento e Actividade Humana.
53. Allison GT,MRN,&SKP. EMG signal amplitude normalization technique in stretch-shortening cycle movements. In *Journal of Electromyography and Kinesiology*.; 1993. p. 236-244.
54. Burden A,&BR. Normalisation of EMG amplitude: an evaluation and comparison of old and new methods. In *Medical engineering & physics*.; 1999. p. 247-257.
55. Burden AM,TM&BV. Normalisation of gait EMGs: a re-examination. *Journal of Electromyography and Kinesiology*.; 2003.
56. DeLuca C. The Use of Surface Electromyography in Biomechanics. *Journal of Applied Biomechanics*; 1997.
57. Soderberg G. Selected Topics in Surface Electromyography for Use in the Occupational Setting. DHHS (NIOSH) Publication; 1992.
58. Hermens HJ,&FB. The state of the art on sensors and sensor placement procedures for surface electromyography: a proposal for sensor placement procedures. ; 1997.
59. García Montañó J. Diseño mecánico de un robot serial para rehabilitación. Universidad Politécnica de Madrid (UPM), Escuela Técnica Superior de Ingeniería y Diseño Industrial; 2016.
60. Monge Chamorro LJ. Modelado y Simulación de Servomotores para Rehabilitación. Análisis de la influencia en el movimiento biomecánico. Universidad Politécnica de Madrid (UPM), Escuela Técnica Superior de Ingeniería y Diseño Industrial; 2015.
61. RX-64 D. Product Manual. Robotics Inc.
62. Zahalak GI. An Overview of Muscle Modeling. In: *Neural Protheses*. New York: Oxford University Press; 1992.

63. Romero F&AFJ. A comparison among different Hill-type contraction dynamics formulations for muscle force estimation. Badajoz: University of Extremadura, Department of Mechanical, Energy and Materials Engineering.
64. Tavares Da Silva MP. Human motion analysis using multibody dynamics and optimization tools. Tesis doctoral en ingeniería mecánica. Universidad Técnica de Lisboa., Instituto Superior Técnico; 2003.
65. Jovanović K,VJ&MN. Hill's and Huxley's Muscle Models – Tools for Simulations in Biomechanics.. Serbian Journal of Electrical Engineering. 2015 February; 12(1).
66. Riener R. Model-based development of neuroprostheses. Milan: Politecnico di Milano, Centro di Bioingegneria.; 1999.
67. Technology AT. Anybodytech. [Online].; 2017 [cited 2017 Diciembre. Available from: https://www.anybodytech.com/fileadmin/AnyBody/Docs/Tutorials/chap5_Muscle_modeling/lesson5.html.
68. Lee D,GM&KA. Modeling and Simulation of Skeletal Muscle. Foundations and Trends in Computer Graphics and Vision. 2011; 7(4).
69. Hill AV. The heat of shortening and the dynamic constants of muscle.. Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences, 126(843); 1938.
70. Rosen J,FMB&AM. Performances of Hill-Type and Neural Network Muscle. Israel: Faculty of Engineering, Tel Aviv University, Department of Biomedical Engineering and Department of Solid Mechanics, Materials and Structures; 1998.
71. Huxley AF. Progress in Biophysics and Biophysical Chemistry. 7th ed. Butler JAV&KB, editor. New York: The MacMillan Company; 1957.
72. Koen K,GC. Comparison of the validity of Hill and Huxley muscle–tendon complex models using experimental data obtained from rat m. soleus in situ. Research Article. ; 2016.
73. Van der Linden BJJ. Mechanical Modeling of Skeletal Muscle Functioning. Universiteit Twente; 1998.

74. Zahalak GI. Modeling Muscle Mechanics (and Energetics). In Winters JM&WSLY, editor. Multiple Muscle Systems: Biomechanics and Movement organization.: Springer-Verlag.
75. Zahalak GI. A distribution-moment approximation for kinetic theories of muscular contraction. ; 1981.
76. Zahalak GI. A comparison of the mechanical behavior of the cat soleus muscle with a distribution moment model. , J. biomech. Engng; 1986.
77. Zahalak GI&MSP. Muscle activation and contraction: constitutive relations based directly on cross-bridge kinetics.. , J. biomech. Engng; 1990.
78. Delp SL,eA. OpenSim: open-source software to create and analyze dynamic simulations of movement. IEEE Trans Biomed Eng. 2007;(54).
79. Lee ea. Wakeling JM. Accuracy of gastrocnemius forces in walking and running goats predicted by one-element and two-element Hill-type models. ; 2013.
80. Biewener ea. Validation of Hill-Type Muscle Models in Relation to Neuromuscular Recruitment and Force–Velocity Properties: Predicting Patterns of In Vivo Muscle Force. Integrative and Comparative Biology. 2014 December; 54(6).
81. Van Soest et al.. The influence of the biarticularity of the gastrocnemius muscle on vertical-jumping achievement. , J. Biomech.; 1993.
82. Bobbert MF. Why is the force-velocity relationship in leg press tasks quasi-linear rather than hyperbolic? , J. Appl. Physiol.; 2012.
83. Azizi E&RTJ. Muscle performance during frog jumping: influence of elasticity on muscle operating lengths. , Proc. R. Soc. B Biol. Sci.; 2010.
84. Lai et al.,. Tendon elastic strain energy in the human ankle plantar-flexors and its role with increased running speed. , J. Exp. Biol.; 2014.
85. Zajac FE. Determining Muscle's Force and Action in Multi-Articular Movement. ; 1989.
86. Van Soest AJ&BMF. The influence of the biarticularity of the gastrocnemius muscle on vertical-jumping achievement.. , J. Biomech.; 1993.

87. Van Den Bogert et al.. Human muscle modelling from a user's perspective. , J. Electromyogr. Kinesiol.; 1998.
88. Thelen DG. Adjustment of Muscle Mechanics Model Parameters to Simulate Dynamic Contractions in Older Adults. Madison: University of Wisconsin-Madison., Department of Mechanical Engineering.; 2003.
89. Ackerman M&SW. Prosthesis design by robotic approaches, part 2: Optimization approach. ; 2006.
90. Gonzalez Tamayo JP,MVJ&OGAA. Modelado del músculo del brazo con redes neuronales para estimar momento en un sistema exoesquelético. Tecnura. Tecnología y Cultura Afirmando el Conocimiento. 2008; 11(22).
91. Matich DJ. Redes Neuronales: Conceptos Básicos y Aplicaciones. Rosario: Universidad Tecnológica Nacional - Facultad Regional Rosario, Departamento de Ingeniería Química.; 2001.
92. Haupt RL,&HSE. Practical genetic algorithms: John Wiley & Sons.; 2004.
93. Goldberg DE. Genetic algorithms in search, optimization, and machine learning. In.: Addison-Wesley; 1989.
94. Kelly Jr JD,&DL. A Hybrid Genetic Algorithm for Classification. In IJCAI.; 1991. p. 645-650.
95. Michalewicz Z,JCZ,&KJB. A modified genetic algorithm for optimal control problems. In Computers & Mathematics with Applications.; 1992. p. 83-94.
96. Reeves CR. Using Genetic Algorithms with Small Populations. In ICGA.; 1993. p. 92.
97. (ISAK). SipeAdIK. Estándares internacionales para la valoración antropométrica. Australia.;; 2011.
98. De Leva P. Adjustments to Zatsiorsky-Seluyanov's segment inertia parameters. Journal of biomechanics. 1996; 29(9).
99. De Luca, C.J.. Shows results using a 25 ms wide RMS window. J Appl Biomech; 1997.
100. De Luca CJ. Surface Electromyography: Detection and Recording. DelSys Incorporated; 2002.

101. Lehman G&MS. The Importance of Normalization in the Interpretation of Surface Electromyography: A Proof of Principle.. Journal of Manipulative and Physiological Therapeutics; 1999.
102. Heckathorne, CW & Childress, DS.. Relationships of the surface electromyogram to the force, length, velocity, and contraction rate of the cineplastic human biceps. Am J Phys Med.; 1981.
103. Woods JJ&BRB. Motor unit discharge rates in maximal voluntary contractions of 3 human muscles. Journal of Neurophysiology; 1983.
104. Zuniga EN&SDG. Nonlinear relationship between averaged electromyogram potential and muscle tension in normal subjects. Journal of Physiology; 1969.
105. Milner-Brown HSea. The contractile properties of human motor units during voluntary isometric contractions. ; 1973.
106. Rabiner LR,&GB. Theory and application of digital signal processing. Englewood Cliffs, NJ, Prentice-Hall, Inc.; 1975.
107. Lloyd DG,&BTF. An EMG-driven musculoskeletal model to estimate muscle forces and knee joint moments in vivo. Journal of biomechanics, 36(6); 2003.
108. Lloyd DG,&BTS. A model of load sharing between muscles and soft tissues at the human knee during static tasks. Transactions-American Society of Mechanical Engineers Journal of Biomechanical Engineering, 118.; 1996.
109. Manal Kea. A real-time EMG-driven virtual arm. Computers in Biology and Medicine, 32.; 2002.
110. Delp SL,&LJP. A graphics-based software system to develop and analyze models of musculoskeletal structures. Computers in biology and medicine, 25(1); 1995.
111. Delp SL,LJP,HMG,ZFE,TEL,&RJM. An interactive graphics-based model of the lower extremity to study orthopaedic surgical procedures.. IEEE Transactions on Biomedical engineering, 37(8);, 1990.
112. Van Zuylen EJ,VVA,&vdGJD. A biomechanical model for flexion torques of human arm muscles as a function of elbow angle.. Journal of biomechanics, 21(3); 1988.

113. Bonato P&HH. An EMG-position controlled system for an active ankle-foot prosthesis: An initial experimental study. Chicago : 9th International Conference on Rehabilitation Robotics. ; 2005.
114. Murray W,DS&BK. Variation of Muscle Moment Arms with Elbow and Forearm Position. Journal of Biomechanics. 1995; Vol 28(513-525).
115. Lieber RL,&FJ. Functional and clinical significance of skeletal muscle architecture. Muscle and nerve, 23(11); 2000.
116. Kawakami Y,AT,KSY,&FT. Training-induced changes in muscle architecture and specific tension.. European journal of applied physiology and occupational physiology, 72(1-2).; 1995.
117. Lieber RL,&FJ. Muscle damage is not a function of muscle force but active muscle strain. Journal of Applied Physiology, 74(2); 1993.
118. Gordon AM,HAF,&JFJ. The variation in isometric tension with sarcomere length in vertebrate muscle fibres. The Journal of physiology, 184(1).; 1966.
119. Cavallaro EE,RJ,PJC,&BS. Hill-Based Model as a Myoprocessor. IEEE Transactions on Biomedical Engineering, 53(11).; 2005.
120. Schutte LM,RMM&ZFE. Improving the Efficacy of Electrical Stimulation-Induced Leg Cycle Ergometry: An Analysis Based on a Dynamic Musculoskeletal Model. IEEE TRANSACTIONS ON REHABILITATION ENGINEERING. 1993 June; 1(2).
121. Fitts RH,&WJJ. Muscle mechanics: adaptations with exercise-training.. Exercise and sport sciences reviews, 24(1).; 1996.
122. Garner BA,&PMG. Musculoskeletal model of the upper limb based on the visible human male dataset.. Computer methods in biomechanics and biomedical engineering, 4(2).; 2001.
123. Guimaraes AC HWHMZYDS. Effects of muscle length on the EMG-force relationship of the cat soleus muscle studied using non-periodic stimulation of ventral root filaments. Journal of Experimental Biology.; 1994.

124. Huijing PA. Important experimental factors for skeletal muscle modelling: non-linear changes of muscle length force characteristics as a function of degree of activity.. *European journal of morphology*, 34(1).; 1996.
125. Yamaguchi GT,SAGU,MDW,FMJ,&WJM. A survey of human musculotendon actuator parameters. In *Multiple muscle systems: Biomechanics and movement organization.*; 1990. p. 717-773.
126. Wolkotte PT. *Modelling Human Locomotion*. Aalborg University, Institute of Electronic Systems.; 2003.
127. Staudenmann DeA. Methodological aspects of sEMG recordings for force estimation – A tutorial and review. *Journal of Electromyography and Kinesiology*. ; 2010.
128. Francisco G&KR. *Biomechanica del musculo*. Universidad de las Americas, Biomechanica I.
129. BIOelettronica OB. *Manual de Usuario v.3.2 [PDF]*.

Incluidos en formato digital.

ANEXO A: Consentimiento informado para Voluntarios del grupo control

ANEXO B: Ficha Sujeto Control

ANEXO C: Tabla Valores Antropométricos

ANEXO D: Señales Obtenidas

ANEXO E: Valores de coeficientes obtenidos

ANEXO F: Par sin optimizar vs. Par optimizado

ANEXO G: Códigos en MATLAB®