



*Universidad Autónoma de Tlaxcala*

*Facultad de Ciencias Básicas, Ingeniería y Tecnología*

**“Análisis de datos de bioseñales con el lenguaje de  
programación Python”**

**TESIS**

Que para obtener el grado de:  
**Licenciado en Matemáticas Aplicadas**

Presenta:  
Said Tecpa Juárez

Director de Tesis:  
M. en C. Roberto Rosales Flores

Asesora de Tesis:  
Dra. Dora Luz Corona Quintanilla

Apizaco, Tlaxcala, 20\_\_.

# ÍNDICE GENERAL

|   |           |
|---|-----------|
| <b>Introducción</b>   | <b>1</b>  |
| <b>1. Objeto de la investigación</b>                            | <b>3</b>  |
| 1.1. Planteamiento del problema . . . . .                       | 3         |
| 1.2. Justificación . . . . .                                    | 5         |
| 1.3. Objetivos . . . . .  | 7         |
| 1.3.1. Objetivo general . . . . .                               | 7         |
| 1.3.2. Objetivos específicos . . . . .                          | 7         |
| 1.4. Hipótesis y preguntas de investigación . . . . .           | 8         |
| 1.4.1. Hipótesis . . . . .                                      | 8         |
| 1.4.2. Preguntas de investigación . . . . .                     | 9         |
| <b>2. Marco Teórico</b>   | <b>11</b> |
| 2.1. Fundamentos de las bioseñales electromiográficas . . . . . | 11        |
| 2.1.1. Procesamiento digital de señales biomédicas . . . . .    | 12        |

|           |   |           |
|-----------|---|-----------|
| 2.1.2.    | Fundamento matemático de la Transformada Rápida de Fourier (FFT)              | 13        |
| 2.1.3.    | Análisis estadístico y caracterización espectral . . . . .                    | 13        |
| 2.2.      | Python como entorno computacional para el análisis de bioseñales . . . . .    | 14        |
| 2.3.      | Intersección entre la matemática aplicada y la neurofisiología experimental . | 15        |
| 2.4.      | Relevancia del enfoque propuesto . . . . .                                    | 15        |
| <b>3.</b> | <b>Metodología</b>  | <b>16</b> |
| 3.1.      | Enfoque general de la investigación . . . . .                                 | 16        |
| 3.2.      | Adquisición y preparación de los datos . . . . .                              | 17        |
| 3.2.1.    | Contexto experimental . . . . .   | 17        |
| 3.2.2.    | Preparación y estructuración de los datos . . . . .                           | 17        |
| 3.3.      | Procesamiento y análisis espectral de las bioseñales . . . . .                | 18        |
| 3.3.1.    | Transformación espectral mediante FFT . . . . .                               | 18        |
| 3.3.2.    | Filtrado y depuración de las señales . . . . .                                | 18        |
| 3.3.3.    | Almacenamiento y trazabilidad de resultados . . . . .                         | 19        |
| 3.4.      | Desarrollo del marco computacional en Python . . . . .                        | 19        |
| 3.4.1.    | Arquitectura del sistema . . . . .  | 19        |
| 3.4.2.    | Modalidades de implementación . . . . .                                       | 19        |
| 3.5.      | Análisis estadístico y validación de resultados . . . . .                     | 20        |
| 3.5.1.    | Evaluación estadística de los bins espectrales . . . . .                      | 20        |
| 3.5.2.    | Validación del marco computacional . . . . .                                  | 20        |
| 3.5.3.    | Documentación y reproducibilidad . . . . .                                    | 21        |
| 3.5.4.    | Consideraciones éticas y científicas . . . . .                                | 21        |
| 3.5.5.    | Síntesis del proceso metodológico . . . . .                                   | 21        |

---

## ÍNDICE DE FIGURAS

---

## ÍNDICE DE TABLAS

---

## INTRODUCCIÓN

El análisis de bioseñales constituye un campo de investigación interdisciplinario en el que convergen la matemática aplicada, la fisiología y la ingeniería biomédica, con el propósito de interpretar cuantitativamente los fenómenos eléctricos asociados a la actividad neuromuscular. Dichas señales, capturadas mediante instrumentos de registro como la electromiografía (EMG), permiten acceder a información de alto valor sobre los mecanismos que gobiernan la excitabilidad de los tejidos y la coordinación funcional entre el sistema nervioso y los efectores musculares. En este sentido, el estudio de las bioseñales no solo proporciona herramientas diagnósticas y experimentales, sino que también abre la posibilidad de modelar procesos fisiológicos complejos bajo marcos matemáticos rigurosos y reproducibles.

Dentro de este contexto, la uretra —estructura esencial en la fisiología miccional— ha sido objeto de estudios neurofisiológicos orientados a comprender la dinámica de su control motor y reflejo. En particular, la actividad electromiográfica del esfínter externo de la uretra (EEU) representa un indicador directo de la función neuromuscular responsable de mantener la continencia urinaria. Investigaciones experimentales realizadas en modelos animales, especialmente en conejas, han permitido establecer la relación entre las raíces nerviosas lumbosacras y el control del EEU. En tales modelos, la avulsión de la raíz ventral lumbosacra (L6–S1) provoca una alteración significativa en los patrones electromiográficos, reflejando la pérdida de la innervación motora del esfínter y, por ende, la disfunción miccional subsecuente (véase [Corona-Quintanilla et al., año]). Dicho modelo constituye una referencia experimental fundamental para la comprensión de los mecanismos neurales que regulan la presión uretral y la coordinación del sistema urinario inferior.

El Centro Tlaxcala de Biología de la Conducta (CTBC) ha desarrollado líneas de investigación orientadas al análisis de la actividad electromiográfica uretral en conejas bajo condiciones de estimulación eléctrica controlada. Este enfoque ha permitido obtener registros

detallados de la presión uretral (PU) en tres regiones anatómicas —proximal, medial y distal—, cada una sometida a trenes de estímulos eléctricos triplicados. Los datos experimentales se estructuran en ventanas de análisis de quince segundos (Basal, A-inicial, A-mayor y A-final), las cuales permiten capturar la evolución temporal de la respuesta fisiológica ante la estimulación. Estos registros constituyen la materia prima para la aplicación de métodos matemáticos y estadísticos avanzados destinados a la extracción e interpretación de los patrones de respuesta neuromuscular.

Desde el punto de vista analítico, la Transformada Rápida de Fourier (FFT, por sus siglas en inglés) representa una de las herramientas más potentes para el estudio espectral de bioseñales. Esta técnica permite descomponer la señal temporal en sus componentes frecuenciales, revelando las estructuras oscilatorias subyacentes y proporcionando una descripción más completa del fenómeno fisiológico observado. En la presente investigación, la FFT se aplica bajo condiciones parametrizadas mediante una ventana de Hamming, unidades de visualización en Vpk/rHz y un ancho de bin de 15, lo que posibilita reducir el leakage espectral y mejorar la resolución frecuencial. A partir de los valores espectrales obtenidos, se propone un análisis estadístico orientado a identificar diferencias significativas entre las regiones anatómicas y las ventanas temporales de estimulación.

El desarrollo de esta metodología encuentra su principal soporte en la integración de herramientas matemáticas, computacionales y estadísticas dentro de un marco reproducible de análisis. En este sentido, el lenguaje de programación Python se consolida como un recurso idóneo por su naturaleza abierta, su vasta comunidad científica y la disponibilidad de bibliotecas especializadas (NumPy, SciPy, Matplotlib, Pandas, entre otras) que facilitan tanto el procesamiento numérico como la visualización de datos experimentales. El diseño de un marco computacional en Python no solo busca optimizar el análisis de bioseñales, sino también fomentar la transparencia y la replicabilidad científica, principios fundamentales en la investigación contemporánea.

En suma, la presente tesis se inscribe en la intersección entre la matemática aplicada y la neurofisiología experimental, proponiendo el desarrollo de un software adaptable capaz de procesar, visualizar y analizar bioseñales electromiográficas provenientes de estudios experimentales en modelos animales. Este esfuerzo pretende no solo contribuir a la caracterización cuantitativa de la actividad del esfínter externo de la uretra, sino también ofrecer un entorno computacional que sirva como base para futuras investigaciones en el ámbito del análisis de señales biológicas, fortaleciendo el puente entre la modelación matemática y la comprensión de los procesos fisiológicos complejos.

# CAPÍTULO 1

## OBJETO DE LA INVESTIGACIÓN

### 1.1. Planteamiento del problema

El estudio cuantitativo de las bioseñales constituye una de las áreas más relevantes de la investigación biomédica contemporánea, pues permite traducir los fenómenos fisiológicos en estructuras matemáticas susceptibles de análisis, modelado y simulación. Dentro de este ámbito, las señales electromiográficas (EMG) representan un medio preciso para caracterizar la actividad neuromuscular en distintos órganos y tejidos. En particular, la actividad electromiográfica del esfínter externo de la uretra (EEU) se ha consolidado como un parámetro experimental esencial para evaluar los mecanismos de control neuromuscular asociados a la continencia y micción urinaria. Estudios recientes han evidenciado que lesiones en las raíces nerviosas lumbosacras —en especial la avulsión de la raíz ventral L6–S1— provocan una disminución drástica en la actividad electromiográfica del EEU, indicando una interrupción funcional en la transmisión motora hacia esta estructura (véase [Corona-Quintanilla et al., año]).

Este hallazgo ha posicionado el modelo de avulsión lumbosacra en conejas como un referente experimental para estudiar las bases neurofisiológicas del control miccional, permitiendo registrar de forma controlada la respuesta eléctrica uretral bajo distintos patrones de estimulación. No obstante, la complejidad intrínseca de los registros electromiográficos —caracterizados por su variabilidad, ruido fisiológico y dependencia del tiempo— plantea importantes desafíos analíticos. La interpretación de dichas señales requiere de metodologías matemáticas y computacionales capaces de extraer información significativa y reproducible, respetando la estructura espectral y temporal de los datos.



En el Centro Tlaxcala de Biología de la Conducta (CTBC) se han desarrollado protocolos experimentales que generan volúmenes considerables de datos de presión uretral (PU) y de actividad electromiográfica. Estos registros incluyen trenes de estimulación eléctrica aplicados a distintas regiones anatómicas de la uretra (proximal, medial y distal), segmentados en ventanas temporales que representan distintas fases de respuesta: Basal, A-inicial, A-mayor y A-final. Tal esquema proporciona un marco experimental robusto, pero al mismo tiempo produce una gran cantidad de información que debe ser tratada mediante herramientas especializadas de análisis de señales.

En la actualidad, una parte significativa del procesamiento de bioseñales en el ámbito biomédico continúa realizándose mediante software propietario, el cual impone restricciones en cuanto a transparencia metodológica, personalización de parámetros y reproducibilidad científica. Esta dependencia limita la posibilidad de adaptar los procedimientos de análisis a las condiciones específicas de cada experimento, obstaculizando la incorporación de técnicas matemáticas avanzadas o ajustes precisos en la parametrización espectral —como la selección de funciones de ventana, resolución de bins o normalización de amplitudes—.

Aunado a ello, el tratamiento computacional de las señales electromiográficas exige un control riguroso sobre aspectos tales como la transformación al dominio frecuencial, la reducción de artefactos, y la comparación estadística entre regiones o condiciones experimentales. Sin un marco metodológico que integre de manera coherente las fases de adquisición, procesamiento y visualización, se corre el riesgo de obtener resultados parciales, difíciles de replicar y de escasa generalización científica.

En este escenario, se identifica una brecha metodológica y tecnológica: la ausencia de un entorno computacional abierto, reproducible y adaptable, que permita el análisis integral de bioseñales como las registradas en estudios de actividad uretral. Tal carencia no solo afecta la eficiencia del procesamiento y la consistencia de los resultados, sino que también limita el potencial de colaboración interdisciplinaria entre la matemática aplicada, la ingeniería biomédica y las neurociencias experimentales.

Por lo tanto, se plantea la necesidad de desarrollar un marco computacional basado en el lenguaje de programación Python, que integre algoritmos de procesamiento digital de señales, transformadas espectrales —como la Transformada Rápida de Fourier (FFT)—, herramientas de visualización y módulos de análisis estadístico. Este marco debe ser capaz de operar tanto en entornos de línea de comandos (CLI), para el manejo automatizado de grandes volúmenes de datos, como en entornos interactivos (Jupyter Notebooks), que favorezcan la exploración y documentación científica.

La formulación de este sistema computacional permitirá superar las limitaciones del software

privativo, garantizar la reproducibilidad de los resultados y ofrecer un entorno versátil que pueda extenderse a otros tipos de bioseñales (como EEG o ECG). De este modo, se busca fortalecer el vínculo entre la investigación neurofisiológica experimental y la matemática aplicada, generando un modelo de análisis integral que contribuya al entendimiento profundo de los mecanismos fisiológicos subyacentes a la actividad uretral y a la consolidación de prácticas científicas transparentes, eficientes y sustentadas en fundamentos cuantitativos rigurosos.

## 1.2. Justificación

El estudio de las bioseñales electromiográficas constituye un eje estratégico para la comprensión de los mecanismos fisiológicos que sustentan la comunicación entre el sistema nervioso y los efectores musculares. En el caso particular del esfínter externo de la uretra (EEU), el análisis de su actividad eléctrica permite inferir el grado de integridad funcional de las vías nerviosas responsables del control miccional. Diversas investigaciones han demostrado que la avulsión de la raíz ventral lumbosacra (L6–S1) produce alteraciones significativas en la actividad electromiográfica del EEU, evidenciando el papel crítico de dichas raíces en la modulación motora del sistema urinario inferior (véase [Corona-Quintanilla et al., año]). Este tipo de modelos experimentales, desarrollados en el Centro Tlaxcala de Biología de la Conducta (CTBC), constituyen una base invaluable para el estudio de las interacciones neurofisiológicas que regulan la continencia y la función urinaria.

Sin embargo, la riqueza informativa contenida en los registros electromiográficos requiere de herramientas analíticas capaces de traducir los patrones eléctricos en estructuras matemáticas cuantificables. Las bioseñales, al ser inherentemente complejas, presentan componentes de ruido, variabilidad temporal y dinámica no lineal, lo que dificulta su interpretación mediante técnicas convencionales. Por tanto, se hace indispensable el diseño de un marco metodológico que permita abordar su análisis desde una perspectiva matemático-computacional, incorporando transformaciones, visualizaciones y métodos estadísticos que aporten objetividad y reproducibilidad a los resultados obtenidos.

El uso de software propietario en el análisis de bioseñales, aunque extendido en entornos biomédicos, impone limitaciones sustanciales a la investigación científica. La falta de transparencia en los algoritmos empleados, la imposibilidad de modificar parámetros internos y la ausencia de trazabilidad metodológica obstaculizan la replicabilidad de los experimentos y restringen la exploración de nuevos enfoques analíticos. En contraste, los entornos de código abierto —particularmente el ecosistema científico de Python— ofrecen una alternativa sólida, sustentada en la flexibilidad, la interoperabilidad y la validación colectiva. Bibliotecas

como NumPy, SciPy, Matplotlib, Pandas y MNE-Python han demostrado su eficacia en el procesamiento de señales, el análisis espectral y la representación visual de datos fisiológicos, garantizando la precisión numérica y la transparencia metodológica necesarias para investigaciones de carácter interdisciplinario.

En este marco, la presente investigación justifica su relevancia al proponer la construcción de un sistema computacional integral orientado al procesamiento y análisis de bioseñales electromiográficas mediante Python. Este sistema permitirá aplicar la Transformada Rápida de Fourier (FFT) bajo condiciones de parametrización controlada —ventana de Hamming, unidades de visualización en Vpk/rHz y ancho de bin de 15—, posibilitando la obtención de representaciones espectrales de alta resolución y la comparación estadística de los patrones de actividad registrados en distintas regiones uretrales y fases temporales. Con ello, se pretende dotar a los investigadores de una herramienta reproducible, flexible y escalable, que reduzca la dependencia de plataformas cerradas y promueva la innovación en el tratamiento de datos biomédicos.

Desde una perspectiva epistemológica, este trabajo contribuye al fortalecimiento del vínculo entre la matemática aplicada, la computación científica y la neurofisiología experimental, consolidando un enfoque interdisciplinario indispensable para el avance del conocimiento biológico. La creación de un entorno computacional reproducible no solo amplía las capacidades analíticas del laboratorio, sino que también promueve la formación de nuevas generaciones de investigadores con competencias en programación científica, análisis de datos y modelación matemática. De esta manera, la investigación trasciende el ámbito técnico para insertarse en el contexto más amplio de la ciencia abierta, fomentando la colaboración, la transparencia y la sostenibilidad del conocimiento.

Finalmente, la pertinencia de esta investigación radica en su doble impacto: científico y tecnológico. Desde el punto de vista científico, ofrece una metodología rigurosa para el análisis de la actividad electromiográfica uretral, capaz de revelar patrones espectrales y variaciones fisiológicas con implicaciones clínicas potenciales en el estudio de disfunciones urinarias. Desde el punto de vista tecnológico, promueve el desarrollo de herramientas computacionales accesibles y adaptables a múltiples escenarios experimentales, contribuyendo a la independencia tecnológica y a la consolidación de prácticas de investigación reproducibles dentro del Centro Tlaxcala de Biología de la Conducta y de la comunidad científica en general.

En síntesis, la justificación de este trabajo reside en la necesidad de articular el conocimiento fisiológico con el rigor matemático y la eficiencia computacional, generando una herramienta innovadora que permita explorar, desde una perspectiva cuantitativa y reproducible, los complejos mecanismos de control neuromuscular de la uretra. Con ello, se pretende no solo enriquecer el análisis experimental existente, sino también sentar las bases para futuras

investigaciones en el ámbito del procesamiento de bioseñales, el análisis espectral avanzado y la aplicación de técnicas computacionales al estudio de la función neuromuscular.

## 1.3. Objetivos

### 1.3.1. Objetivo general

Desarrollar un marco computacional integral implementado en el lenguaje de programación Python, orientado al procesamiento, análisis y visualización de bioseñales electromiográficas provenientes de estudios experimentales del esfínter externo de la uretra en conejas, con el propósito de establecer una metodología reproducible, transparente y adaptable que permita la caracterización espectral y estadística de dichas señales. Este marco deberá integrar algoritmos de transformación digital —particularmente la Transformada Rápida de Fourier (FFT) parametrizada mediante ventana de Hamming, unidades de visualización en Vpk/rHz y ancho de bin definido—, junto con herramientas de análisis matemático-estadístico y de representación gráfica que posibiliten la identificación de patrones diferenciales en la actividad neuromuscular bajo condiciones de estimulación controlada. Asimismo, el sistema computacional propuesto buscará consolidarse como una plataforma abierta y escalable, capaz de fortalecer la investigación interdisciplinaria entre la matemática aplicada, la computación científica y la neurofisiología experimental, contribuyendo al desarrollo de nuevas estrategias de interpretación cuantitativa en el estudio de bioseñales y a la consolidación de prácticas científicas sustentadas en los principios de eficiencia, reproducibilidad y ciencia abierta.

### 1.3.2. Objetivos específicos

- Diseñar e implementar un algoritmo computacional en Python que permita el procesamiento estructurado de bioseñales electromiográficas del esfínter externo de la uretra, garantizando la trazabilidad y consistencia de los datos experimentales obtenidos en el Centro Tlaxcala de Biología de la Conducta (CTBC). Este algoritmo deberá incluir rutinas para la lectura, segmentación y preprocesamiento de los archivos de registro, optimizando el manejo de grandes volúmenes de información mediante técnicas de filtrado y normalización de señales.
- Aplicar la Transformada Rápida de Fourier (FFT) bajo condiciones específicas de parametrización —utilizando ventana de Hamming, unidades de visualización en Vpk/rHz y un ancho de bin de 15— con el propósito de obtener una caracterización espectral

precisa de las bioseñales. Esta implementación deberá posibilitar la identificación de componentes frecuenciales representativos, reduciendo el leakage espectral y mejorando la resolución de los datos para su análisis estadístico posterior.

- Desarrollar herramientas metodológicas y visuales basadas en bibliotecas científicas de Python —tales como NumPy, SciPy, Matplotlib y Pandas— que permitan representar las bioseñales en los dominios temporal y frecuencial, favoreciendo una interpretación más profunda de la dinámica eléctrica subyacente. Estas herramientas deberán integrar gráficos interactivos, espectrogramas y representaciones comparativas entre regiones uretrales y fases de estimulación.
- Implementar módulos de análisis estadístico y matemático que faciliten la comparación de los valores espectrales obtenidos entre distintas regiones anatómicas de la uretra (proximal, medial y distal) y entre las ventanas temporales de análisis (Basal, A-inicial, A-mayor y A-final). Dichos módulos deberán permitir evaluar la existencia de diferencias significativas en los patrones de actividad neuromuscular, contribuyendo a la validación fisiológica de los resultados y al fortalecimiento de las inferencias experimentales.
- Construir un entorno computacional reproducible y abierto, disponible tanto en modalidad de línea de comandos (CLI) como en cuadernos interactivos (Jupyter Notebooks), que integre los algoritmos, rutinas y visualizaciones desarrolladas. Este entorno deberá estar debidamente documentado, con un enfoque en la transparencia metodológica, la adaptabilidad a otros tipos de bioseñales (como EEG o ECG), y la promoción de buenas prácticas científicas en el análisis computacional de datos fisiológicos.
- Validar el desempeño y la fiabilidad del marco computacional desarrollado mediante la comparación de los resultados obtenidos con aquellos reportados en investigaciones previas (véase [Corona-Quintanilla et al., año]) y con análisis realizados mediante software especializado de referencia. Esta etapa permitirá verificar la precisión, eficiencia y reproducibilidad del sistema, garantizando su utilidad científica en la caracterización cuantitativa de la actividad electromiográfica uretral.

## 1.4. Hipótesis y preguntas de investigación

### 1.4.1. Hipótesis

Se plantea que el diseño e implementación de un marco computacional en Python, basado en la Transformada Rápida de Fourier (FFT) y en técnicas avanzadas de procesamiento digital

de señales, permitirá caracterizar con precisión y reproducibilidad la actividad electromiográfica del esfínter externo de la uretra (EEU) en conejas sometidas a estimulación eléctrica controlada.

De manera específica, se postula que la aplicación de la FFT parametrizada mediante ventana de Hamming, unidades de visualización en Vpk/rHz y ancho de bin de 15, posibilitará la identificación cuantitativa de componentes espectrales diferenciables entre las regiones proximal, medial y distal de la uretra, así como entre las ventanas temporales Basal, A-inicial, A-mayor y A-final, reflejando variaciones fisiológicas coherentes con los patrones de activación neuromuscular reportados en modelos experimentales previos (véase [Corona-Quintanilla et al., año]).

En consecuencia, si el sistema computacional desarrollado logra reproducir y visualizar tales diferencias con fidelidad y consistencia estadística, entonces será posible afirmar que el empleo de un entorno computacional abierto y matemáticamente fundamentado no solo optimiza el análisis de bioseñales, sino que además constituye una alternativa metodológica superior frente al uso de software propietario, al garantizar mayor transparencia, flexibilidad y rigor científico en el estudio de los procesos neurofisiológicos que regulan la función uretral.

### 1.4.2. Preguntas de investigación

1. ¿De qué manera puede un marco computacional desarrollado en Python optimizar el procesamiento y análisis de bioseñales electromiográficas provenientes del esfínter externo de la uretra en modelos experimentales animales?

El desarrollo de un marco computacional en Python, sustentado en algoritmos abiertos y reproducibles, permite optimizar el procesamiento de bioseñales mediante la integración de rutinas automatizadas de lectura, segmentación, transformación espectral y análisis estadístico, reduciendo la dependencia de software propietario y garantizando la trazabilidad y transparencia del proceso analítico.

2. ¿Qué ventajas ofrece la aplicación de la Transformada Rápida de Fourier (FFT) en la caracterización espectral de bioseñales electromiográficas respecto a los métodos tradicionales de análisis temporal?

La FFT posibilita descomponer la señal en sus componentes frecuenciales, revelando patrones oscilatorios y estructuras espectrales no perceptibles en el dominio temporal. Ello proporciona una descripción más completa y cuantitativa de la actividad neuromuscular, incrementando la sensibilidad para detectar variaciones fisiológicas entre regiones anatómicas y momentos experimentales.

3. ¿Cómo contribuye la parametrización controlada de la FFT —mediante ventana de Hamming, unidades en Vpk/rHz y ancho de bin definido— a la precisión y reproducibilidad del análisis espectral?

La correcta parametrización de la FFT reduce el leakage espectral, mejora la resolución en frecuencia y permite la comparación objetiva de resultados entre distintas sesiones experimentales. De este modo, se asegura una representación espectral coherente y reproducible, indispensable para establecer inferencias fisiológicas confiables.

4. ¿En qué medida la integración de herramientas matemáticas, estadísticas y de visualización en Python favorece la interpretación y validación de resultados en el análisis de bioseñales?

La combinación de bibliotecas científicas como NumPy, SciPy, Matplotlib y Pandas permite construir un entorno analítico integral, capaz de procesar, representar y comparar señales en los dominios temporal y frecuencial. Esto facilita la validación cruzada de resultados y la identificación de correlaciones significativas entre parámetros espectrales y respuestas fisiológicas.

5. ¿De qué forma la aplicación de un marco computacional abierto y reproducible puede fortalecer la investigación neurofisiológica en el ámbito de la continencia urinaria?

El uso de entornos de código abierto promueve la colaboración interdisciplinaria, la transparencia metodológica y la replicabilidad de los resultados. Además, al permitir la personalización de algoritmos y parámetros, el marco computacional contribuye al desarrollo de nuevas estrategias analíticas aplicables a otros modelos experimentales de función neuromuscular y control urinario (véase [Corona-Quintanilla et al., año]).

## CAPÍTULO 2

## MARCO TEÓRICO

### 2.1. Fundamentos de las bioseñales electromiográficas

Las bioseñales son manifestaciones eléctricas derivadas de la actividad fisiológica de los tejidos excitables, tales como músculos, nervios o glándulas. Su registro y análisis permiten inferir el comportamiento dinámico de sistemas biológicos complejos y establecer relaciones cuantitativas entre los procesos bioeléctricos y las respuestas funcionales del organismo. Dentro de este conjunto, las señales electromiográficas (EMG) constituyen un medio experimental esencial para el estudio de la actividad neuromuscular, al reflejar la suma de los potenciales eléctricos generados durante la contracción de fibras musculares bajo control voluntario o reflejo.

En el contexto del sistema urinario inferior, la electromiografía del esfínter externo de la uretra (EEU) se ha consolidado como una herramienta de gran relevancia para comprender los mecanismos fisiológicos que regulan la continencia urinaria y el control miccional. El EEU es un músculo estriado somático que recibe inervación principalmente de las raíces nerviosas lumbosacras (L6–S1). Cuando dichas raíces son lesionadas o avulsionadas, se interrumpe la transmisión motora hacia el esfínter, lo que genera una reducción significativa en la actividad electromiográfica y, en consecuencia, una alteración funcional de la micción (véase [Corona-Quintanilla et al., año]).

El modelo de avulsión lumbosacra en conejas ha permitido reproducir experimentalmente este fenómeno y estudiar la reorganización de los circuitos neurales que intervienen en la



función urinaria. Mediante el registro simultáneo de la presión uretral (PU) y la actividad electromiográfica (EMG) durante la aplicación de trenes de estímulos eléctricos controlados, se obtiene una representación precisa de la respuesta neuromuscular del sistema. Dichos registros, segmentados en ventanas de tiempo —Basal, A-inicial, A-mayor y A-final—, contienen información valiosa sobre la evolución temporal de la activación muscular y su modulación fisiológica.

Sin embargo, la naturaleza oscilatoria, ruidosa y no estacionaria de las señales electromiográficas exige la aplicación de métodos matemáticos avanzados para su análisis. Es en este punto donde el procesamiento digital de señales (DSP) y la matemática aplicada convergen como pilares fundamentales del estudio cuantitativo de la fisiología.

### 2.1.1. Procesamiento digital de señales biomédicas

El procesamiento digital de señales consiste en el conjunto de técnicas matemáticas y computacionales empleadas para adquirir, filtrar, transformar y analizar señales discretizadas en el tiempo. Su objetivo es extraer información relevante y reducir el impacto del ruido o de las variaciones indeseadas presentes en los datos experimentales. En el ámbito biomédico, estas técnicas son esenciales para convertir registros fisiológicos en descripciones cuantitativas útiles para la investigación o la práctica clínica.

Una bioseñal, denotada por  $x(t)$ , puede representarse en su forma discretizada  $x[n]$ , donde  $n$  indica la secuencia temporal de muestras obtenidas a una frecuencia de muestreo  $f_s$ . El tratamiento matemático de estas secuencias implica operaciones como la filtración, la detección de picos, la segmentación temporal y, de manera crucial, la transformación de dominio, que permite analizar la señal desde distintas perspectivas.

Entre las herramientas más utilizadas se encuentra la Transformada de Fourier (TF), que expresa una señal en términos de sus componentes sinusoidales de frecuencia. Esta transformación revela la estructura espectral del fenómeno fisiológico, permitiendo estudiar la distribución de energía o amplitud en función de la frecuencia. La Transformada Rápida de Fourier (FFT, Fast Fourier Transform) es una versión computacionalmente eficiente de la TF, capaz de procesar grandes volúmenes de datos con una complejidad algorítmica de orden  $O(N \log N)$ , donde  $N$  es el número de muestras de la señal.

### 2.1.2. Fundamento matemático de la Transformada Rápida de Fourier (FFT)

La Transformada Discreta de Fourier (DFT) de una señal  $x[n]$  de longitud  $N$  se define como:

$$X[k] = \sum_{n=0}^{N-1} x[n] e^{-j2\pi kn/N}, \quad k = 0, 1, \dots, N-1 \quad (2.1)$$

donde  $X[k]$  representa los coeficientes complejos que describen la amplitud y fase de las componentes frecuenciales. La FFT optimiza el cálculo de la DFT al reducir el número de operaciones necesarias, lo que la convierte en un método estándar para el análisis espectral en tiempo real.

En el análisis de bioseñales electromiográficas, la FFT permite determinar las frecuencias dominantes asociadas a la actividad muscular, las cuales pueden correlacionarse con diferentes estados fisiológicos o condiciones experimentales. La correcta interpretación de estos espectros requiere controlar parámetros clave, tales como la ventana de análisis, el ancho de bin y las unidades de visualización.

- Ventana de Hamming: aplicada para mitigar los efectos de discontinuidad en los límites de la señal (fenómeno conocido como leakage), garantizando una representación espectral más precisa.
- Unidades de visualización (Vpk/rHz): utilizadas para normalizar la amplitud espectral y facilitar la comparación entre registros.
- Ancho de bin: determina la resolución frecuencial y el nivel de detalle en la distribución espectral.

Al aplicar la FFT con estos parámetros, se obtiene una representación frecuencial refinada de la señal, donde los bins espectrales constituyen la base cuantitativa para posteriores análisis estadísticos.

### 2.1.3. Análisis estadístico y caracterización espectral

El valor científico del análisis espectral no radica únicamente en la obtención de la transformada, sino en la interpretación estadística de sus resultados. En investigaciones neurofisioló-

gicas, la comparación de los espectros obtenidos entre distintas regiones anatómicas o entre diferentes momentos experimentales permite identificar patrones diferenciales de activación.

El tratamiento estadístico de los bins espectrales involucra pruebas que determinan si las diferencias observadas son significativas desde un punto de vista fisiológico. Este enfoque permite vincular el análisis matemático con las inferencias biológicas, cerrando el ciclo entre el registro experimental, la transformación matemática y la interpretación científica de los resultados.

## 2.2. Python como entorno computacional para el análisis de bioseñales

El lenguaje de programación Python ha emergido como una plataforma de referencia en la investigación científica debido a su carácter abierto, modular y reproducible. A diferencia del software propietario, Python permite el control total de los algoritmos empleados, la personalización de parámetros y la integración de bibliotecas especializadas en procesamiento de señales, análisis estadístico y visualización de datos.

Bibliotecas como NumPy y SciPy proporcionan estructuras de datos y rutinas matemáticas de alto rendimiento para cálculos vectorizados y transformadas de Fourier; Matplotlib y Seaborn facilitan la visualización detallada de resultados; Pandas permite la manipulación estructurada de grandes volúmenes de datos; y MNE-Python amplía las capacidades del análisis de señales neurofisiológicas como EEG y EMG.

Además, los cuadernos Jupyter (Jupyter Notebooks) ofrecen un entorno interactivo que combina texto, código y visualizaciones en un mismo documento, favoreciendo la documentación transparente y la replicabilidad de los análisis. Este enfoque no solo cumple con los principios de la ciencia abierta, sino que también promueve la interdisciplinariedad, al permitir que investigadores de distintas áreas comprendan, verifiquen y amplíen los procedimientos utilizados.

## 2.3. Intersección entre la matemática aplicada y la neurofisiología experimental

La convergencia entre la modelación matemática y la experimentación fisiológica representa uno de los avances más significativos en la comprensión de los sistemas biológicos. En el caso de la actividad uretral, la descripción cuantitativa de los patrones electromiográficos mediante transformadas espectrales y análisis estadístico no solo facilita la detección de variaciones fisiológicas, sino que también sienta las bases para el desarrollo de modelos predictivos del comportamiento neuromuscular.

El marco computacional propuesto se inscribe en esta intersección, donde la matemática aplicada proporciona el lenguaje formal para la representación de la señal, y la computación científica brinda las herramientas para su implementación eficiente y reproducible. A través de esta integración, se busca consolidar un modelo analítico robusto, capaz de trascender el ámbito experimental inmediato y aplicarse a distintas áreas del procesamiento de bioseñales, tales como la electroencefalografía (EEG), la electrocardiografía (ECG) o la electromiografía de superficie (sEMG).

## 2.4. Relevancia del enfoque propuesto

El desarrollo de un marco computacional en Python para el análisis de bioseñales electromiográficas del esfínter externo de la uretra aporta una innovación metodológica y una contribución científica tangible. En términos prácticos, ofrece una herramienta reproducible que amplía las capacidades analíticas de los laboratorios de investigación biomédica; en términos teóricos, establece un puente entre el análisis matemático y la interpretación fisiológica, fortaleciendo el rigor cuantitativo en la investigación neurofisiológica.

Así, este trabajo no solo responde a una necesidad técnica, sino también a una visión epistemológica: la de consolidar un paradigma de investigación sustentado en la transparencia, la reproducibilidad y la interdisciplinariedad, donde la matemática aplicada se erige como un lenguaje universal para descifrar la complejidad de los procesos [biológicos](#) ? ?.

## CAPÍTULO 3

## METODOLOGÍA

### 3.1. Enfoque general de la investigación

La presente investigación adopta un enfoque mixto de carácter experimental y computacional, sustentado en la integración de procedimientos de registro neurofisiológico y procesamiento matemático de señales mediante herramientas de programación científica en Python. Su desarrollo se orienta a la construcción de un marco computacional reproducible que permita el análisis cuantitativo de bioseñales electromiográficas del esfínter externo de la uretra (EEU) en conejas, registradas bajo condiciones experimentales controladas.

El proceso metodológico se estructura en cuatro fases principales:

1. Adquisición y preparación de datos experimentales
2. Procesamiento y transformación espectral de las señales
3. Desarrollo del marco computacional en Python
4. Validación y análisis estadístico de los resultados

Cada fase se sustenta en principios teóricos rigurosos y en la aplicación de técnicas cuantitativas orientadas a garantizar la reproducibilidad y precisión del análisis.

## 3.2. Adquisición y preparación de los datos

### 3.2.1. Contexto experimental

Los datos empleados en esta investigación provienen de registros electromiográficos obtenidos en el Centro Tlaxcala de Biología de la Conducta (CTBC), bajo la dirección de la Dra. Dora Luz Corona Quintanilla (véase [Corona-Quintanilla et al., año]).

El modelo experimental consiste en la estimulación eléctrica controlada de tres regiones anatómicas de la uretra —proximal, medial y distal— en conejas adultas. Cada región es sometida a trenes de estímulos triplicados de cinco minutos de duración, dentro de los cuales se establecen cuatro ventanas de análisis temporal de quince segundos:

- Basal (antes de la estimulación)
- A-inicial (inicio de la respuesta)
- A-mayor (máximo de activación)
- A-final (fase de retorno o adaptación)

Los registros, correspondientes a la Presión Uretral (PU) y a la actividad electromiográfica (EMG), se almacenan en archivos binarios con extensión .BIN, los cuales contienen la información digitalizada de las señales fisiológicas capturadas durante la experimentación.

### 3.2.2. Preparación y estructuración de los datos

Para garantizar la trazabilidad de los registros, se implementará una rutina en Python que permita:

- La lectura automatizada de los archivos .BIN y su conversión a estructuras manipulables mediante NumPy y Pandas.
- La normalización de las señales para homogenizar unidades y magnitudes.
- La segmentación de los datos de acuerdo con las ventanas temporales definidas experimentalmente.

- El etiquetado sistemático de cada archivo con información referente a la región anatómica, número de réplica y condición experimental.

De esta manera, se garantiza que las señales procesadas mantengan coherencia interna y correspondencia directa con el contexto experimental en el cual fueron adquiridas.

### **3.3. Procesamiento y análisis espectral de las bioseñales**

#### **3.3.1. Transformación espectral mediante FFT**

El procesamiento de las señales se efectuará aplicando la Transformada Rápida de Fourier (FFT), técnica que permite descomponer la señal temporal en sus componentes frecuenciales. Para optimizar la resolución espectral y minimizar los efectos de fuga (spectral leakage), la FFT será parametrizada conforme a los siguientes criterios:

- Función de ventana: Ventana de Hamming, seleccionada por su adecuada relación entre atenuación lateral y preservación de amplitud.
- Unidades de visualización: Voltaje pico por raíz de Hertz ( $V_{pk}/\sqrt{\text{Hz}}$ ), lo que posibilita una normalización consistente entre registros.
- Ancho de bin: 15 unidades frecuenciales, definido con base en la frecuencia de muestreo de los datos y en la resolución requerida para el análisis comparativo.

El resultado del proceso será un conjunto de bins espectrales, correspondientes a los niveles de energía y amplitud de las distintas frecuencias presentes en la señal. Estos valores constituirán la base cuantitativa para el análisis estadístico posterior.

#### **3.3.2. Filtrado y depuración de las señales**

Previo a la aplicación de la FFT, las señales serán sometidas a un proceso de filtrado digital con el objetivo de eliminar componentes espurias y ruido de alta frecuencia no asociado a la actividad neuromuscular. Se utilizarán filtros pasa-bajo y pasa-alto implementados mediante funciones de la biblioteca SciPy.signal, ajustados de acuerdo con la frecuencia de muestreo del sistema experimental.

### 3.3.3. Almacenamiento y trazabilidad de resultados

Los resultados espectrales serán almacenados en estructuras DataFrame de Pandas, vinculadas a metadatos experimentales que aseguren la trazabilidad de cada análisis. De este modo, se mantiene la integridad de la información a lo largo de todas las etapas del procesamiento.

## 3.4. Desarrollo del marco computacional en Python

### 3.4.1. Arquitectura del sistema

El marco computacional se desarrollará bajo una arquitectura modular, conformada por los siguientes componentes:

- Módulo de adquisición y lectura de datos: encargado de la importación y estructuración de los archivos .BIN.
- Módulo de procesamiento espectral: implementa la FFT y las rutinas de filtrado y normalización.
- Módulo de análisis estadístico: calcula medidas descriptivas y comparativas entre regiones anatómicas y ventanas temporales.
- Módulo de visualización: genera representaciones gráficas y espectrogramas interactivos mediante Matplotlib y Seaborn.

### 3.4.2. Modalidades de implementación

El sistema se diseñará en dos modalidades complementarias:

1. Interfaz de Línea de Comandos (CLI): orientada al análisis automatizado de grandes volúmenes de datos, permitiendo ejecutar los procedimientos de manera secuencial y eficiente.
2. Cuaderno interactivo (Jupyter Notebook): destinado a la exploración visual, la documentación metodológica y la replicabilidad académica de los resultados.



Ambas modalidades compartirán la misma base de código y estructura modular, facilitando la escalabilidad y adaptabilidad del sistema a distintos tipos de bioseñales.

## **3.5. Análisis estadístico y validación de resultados**

### **3.5.1. Evaluación estadística de los bins espectrales**

Los valores espectrales obtenidos se someterán a un análisis estadístico descriptivo e inferencial, con el fin de identificar diferencias significativas entre las regiones uretrales (proximal, medial y distal) y entre las distintas ventanas de análisis temporal.

Dependiendo de la distribución de los datos, se aplicarán pruebas como:

- ANOVA de una vía o Kruskal–Wallis, para la comparación entre grupos.
- Pruebas post-hoc (Tukey o Dunn) para determinar contrastes específicos.
- Medidas de dispersión y correlación, orientadas a establecer relaciones entre componentes frecuenciales y respuestas fisiológicas.

### **3.5.2. Validación del marco computacional**

El desempeño del sistema será validado mediante dos criterios fundamentales:

1. Comparación con resultados previos obtenidos en estudios experimentales del CTBC (véase [Corona-Quintanilla et al., año]), evaluando la coherencia entre los patrones espectrales reportados y los obtenidos mediante el software propuesto.
2. Contrastación con software especializado, verificando que los resultados del análisis espectral y estadístico sean equivalentes o mejorados en términos de precisión, resolución y reproducibilidad.

### 3.5.3. Documentación y reproducibilidad

Cada etapa del procesamiento será documentada exhaustivamente dentro del entorno Jupyter, incluyendo los códigos fuente, parámetros utilizados y descripciones metodológicas. Esta documentación permitirá que otros investigadores repliquen o amplíen los resultados, fortaleciendo los principios de ciencia abierta y trazabilidad científica.

### 3.5.4. Consideraciones éticas y científicas

La presente investigación se realiza sobre datos experimentales previamente registrados bajo protocolos aprobados por los comités de ética del Centro Tlaxcala de Biología de la Conducta. No se realiza manipulación directa de animales, sino análisis secundario de datos, por lo que el estudio cumple con los principios éticos de respeto, confidencialidad y uso responsable de la información científica.

### 3.5.5. Síntesis del proceso metodológico

En síntesis, la metodología propuesta articula el rigor experimental con la precisión matemática y la eficiencia computacional. A través de la integración de técnicas de análisis espectral, estadística inferencial y desarrollo de software en Python, esta investigación pretende construir un marco analítico sólido, reproducible y escalable, capaz de contribuir significativamente al estudio de las bioseñales electromiográficas uretrales y, por extensión, a la comprensión de los procesos neuromusculares que regulan la función miccional.

El resultado esperado es un sistema computacional abierto que no solo optimice el tratamiento de señales biomédicas, sino que también se erija como una herramienta de apoyo científico para futuras investigaciones en el campo de la neurofisiología experimental y la matemática aplicada.

---

## REFERENCIAS

- Apostol, T. M. (1976). Análisis matemático, 2a. *Edición, Editorial Reverté, España, 518.*
- Meijer, E. (2013). *The apacite package.* Citeseer.
- Rudin, W. (1964). *Principles of mathematical analysis.* McGraw-Hill, Inc.
- Wunsch, A. D. (1999). *Variable compleja con aplicaciones.* Addison Wesley.