



Método de Correlación Integración Fractal aplicado a Fibras Musculares

García Muñoz Valeria¹, Rodríguez Torres Erika Elizabeth², Itzá Ortiz Benjamín Alfonso², Viveros Rogel Jorge², López García Kenia³, e Jiménez Estrada Ismael³

¹Licenciatura en Matemáticas Aplicadas, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. ²Centro de Investigación en Matemáticas, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. ³Departamento de Fisiología, Biofísica y Neurociencias, CINVESTAV-IPN.



INTRODUCCIÓN

Como ya se sabe, las fibras musculares pueden clasificarse de acuerdo a sus características metabólicas, por el grado de actividad de la enzima ATPasa, o por sus propiedades mecánicas.

Sin embargo se desconoce si la distribución de los distintos tipos de fibras musculares siguen un patrón de comportamiento particular o aleatorio.

El cual es el objetivo del siguiente trabajo, a través del método de correlación integral determinar si las fibras musculares tienen un comportamiento fractal o no; así como ver la distribución de éstas.

¿Qué es el método de correlación integral?

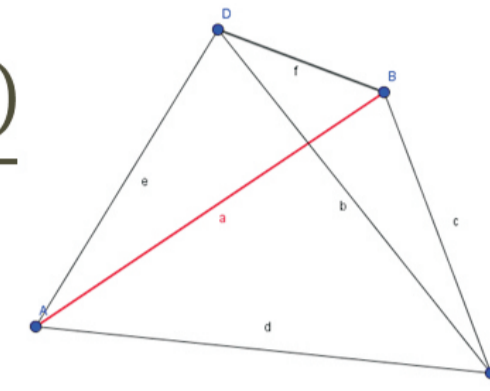
$R_{i,k}$ = Distancia del centro de gravedad de cada fibra

$$R_{i,k} = \sqrt{(X_i - X_k)^2 + (Y_i - Y_k)^2}$$

N = Objetos

N_c = Combinaciones posibles

$$N_c = \frac{N(N-1)}{2}$$



N_r = Número de objetos pareados separados por distancias $R < r$

$C(r)$ = Correlación Integral

$$C(r) = \frac{N_r}{N_c}$$

MÉTODO

- 1.- Con la ubicación de las fibras musculares, la posición espacio-anatómica de cada una de las imágenes histológicas se grafica de manera binaria.
- 2.- Posteriormente se introduce al programa Fractalyse® donde se realiza un análisis de correlación integral.
- 3.- Se interpretan los resultados con la función de distribución.
- 4.- Se determina si tiene un patrón fractal o no.
- 5.- Análisis con funciones de distribución.

1 De histológicas a binarias

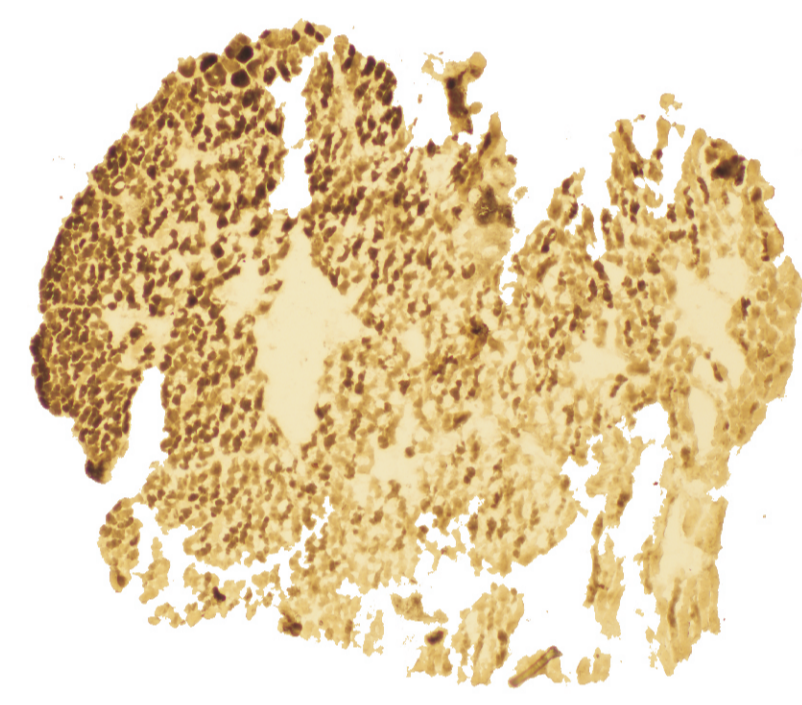


Imagen histológica ATP del Fascículo 3 de rata con control de alimentación.



	A	B	C
1	X	Y	Dim
2	1144	655	4088
3	1186	598	4248
4	1241	742	
5	1131	735	
6	1055	784	
7	982	855	
8	1041	887	
9	911	963	
10	866	884	
11	822	848	
12	827	807	
13	773	902	
14	738	1081	
15	790	1010	
16	839	1006	
17	863	1047	
18	924	1031	

Conteo de fibras ATP rápidas del Fascículo 3 de rata con control de alimentación.

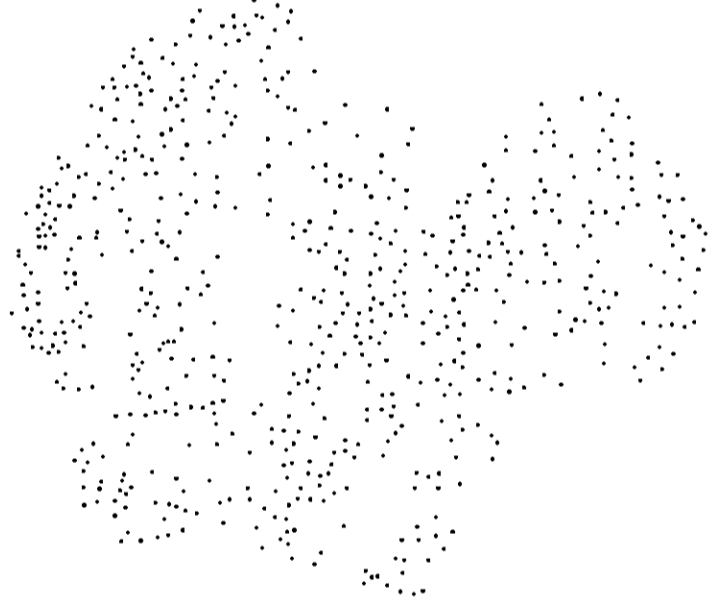
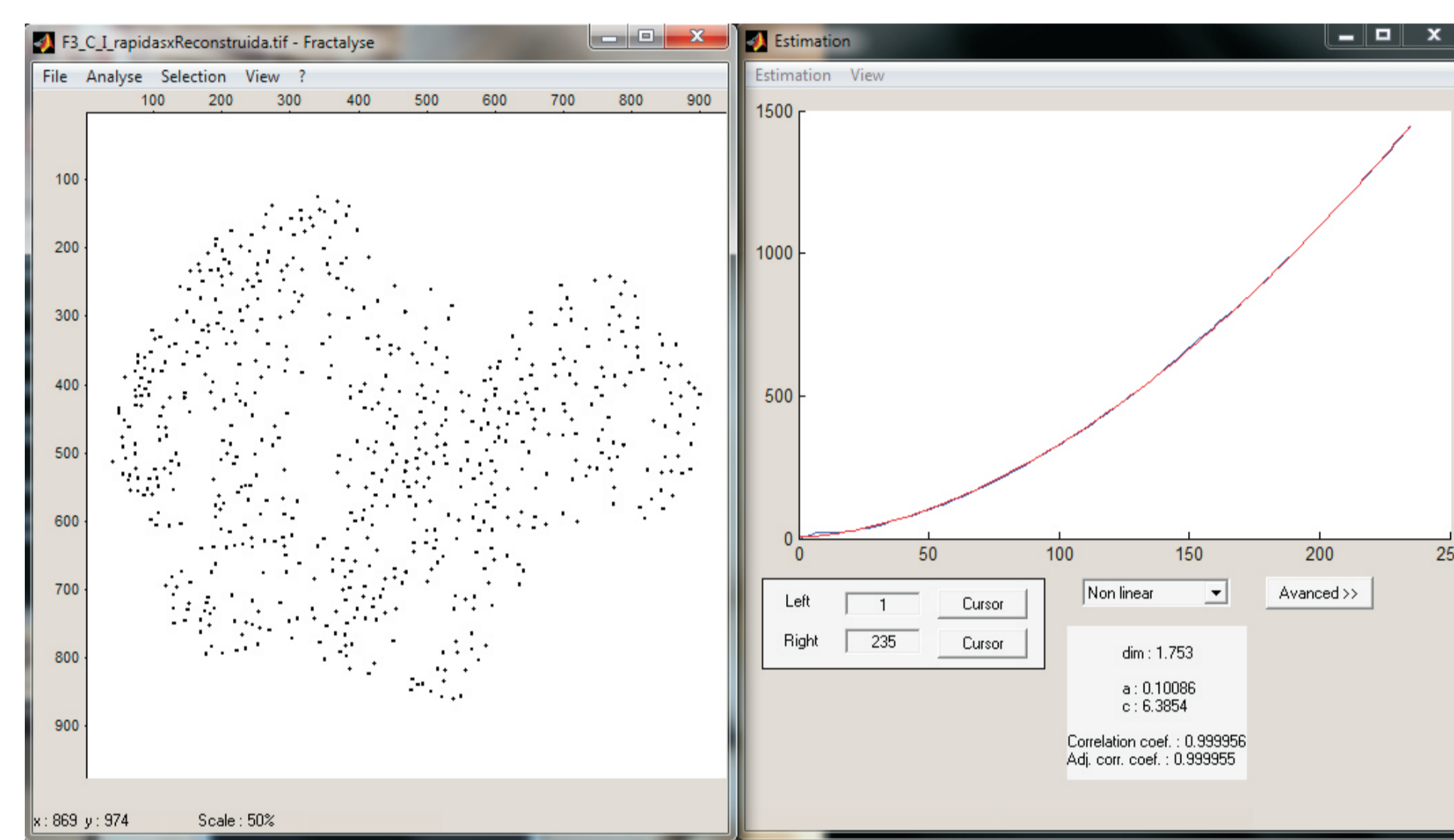


Imagen binaria ATP, fibras rápidas del Fascículo 3 de rata con control de alimentación.



2 En Fractalyse®



Ejemplo del uso del Software Fractalyse en el fascículo 3_J ATP de fibras rápidas, con análisis de correlación integral.

Función de la recta:

$$y = ax^D + c$$

Si es una estructura fractal $0.1 < a < 4$

Fractalidad no comprobada: $a < 0.1$ ó $a > 4$

c = Constante

D = Dimensión Fractal

3 Análisis

	Rápidas
Dimensión	1,753
a	0,10086
c	6,3854
Coefficiente de correlación	0,999956

Coefficiente de Correlación, si es igual a 1, la recta se aproxima a los datos obtenidos, en este caso es una buena aproximación.

4 Fractalidad

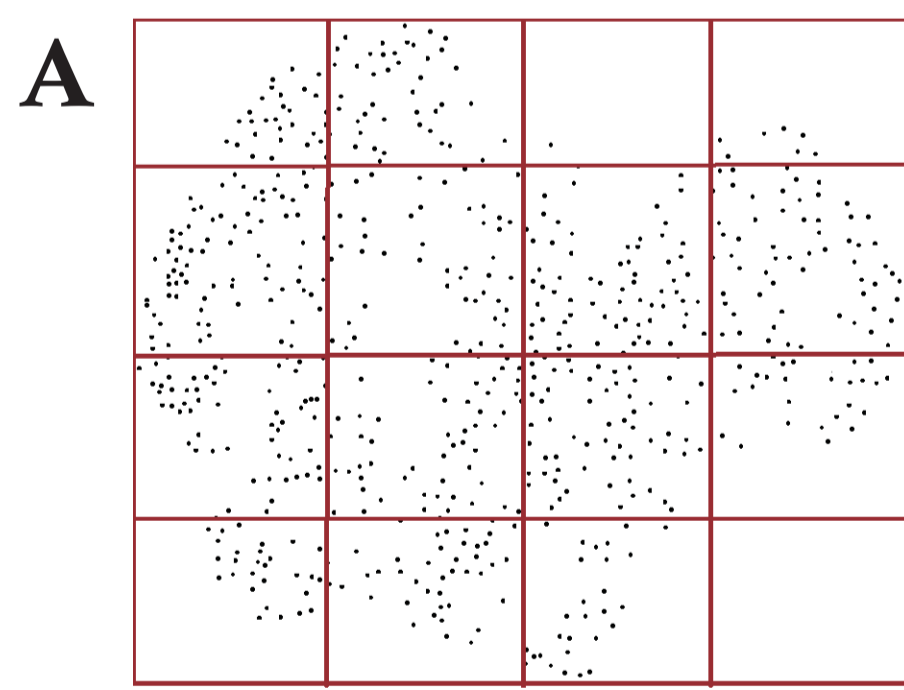
Notemos que:

$$0.1 < a < 4$$

es decir que tiene un comportamiento fractal.

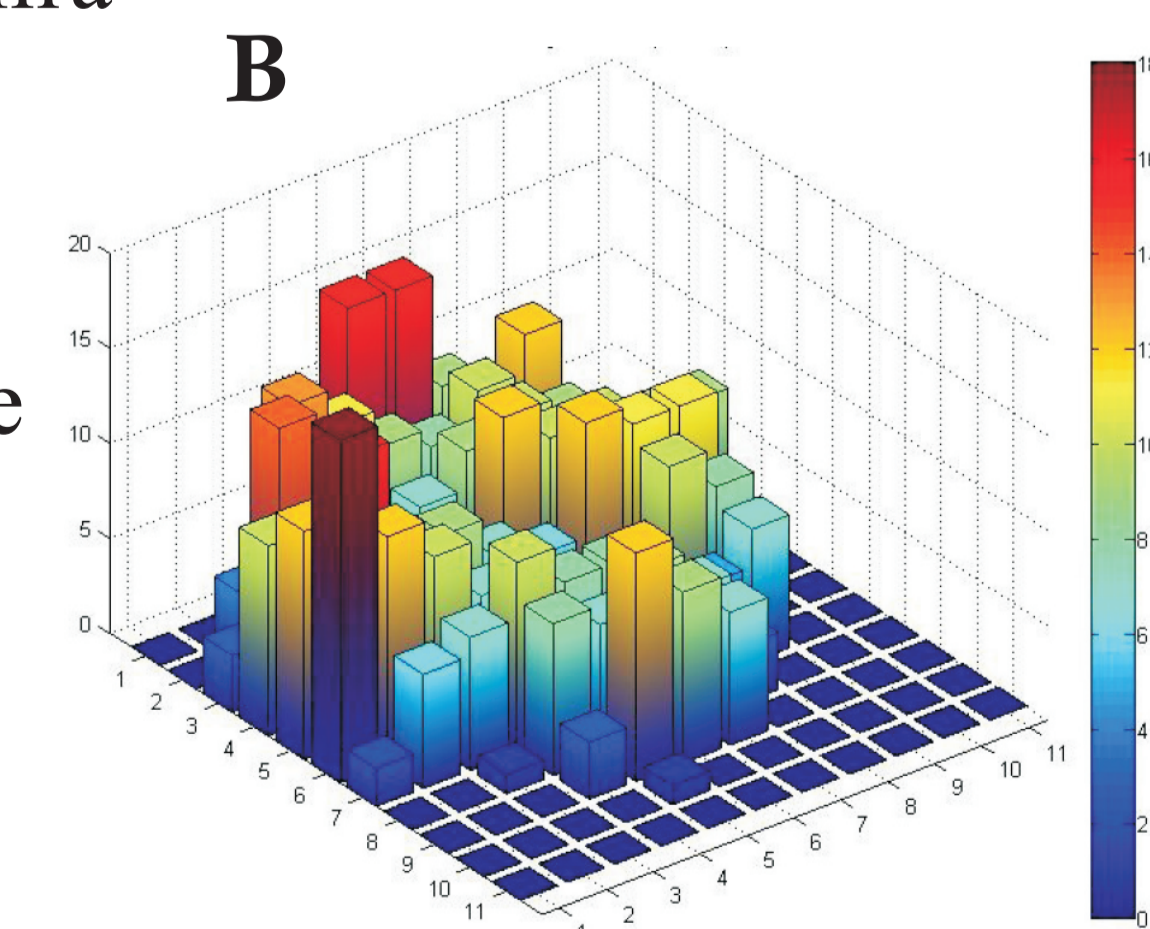
5 Función de Distribución

1.- La imagen binaria se delimita en un marco y se divide en $N \times N$ celdas.



2.- En cada celda se consideran varios valores con los cuales se construye un histograma.

3.- El histograma mostrará los valores:



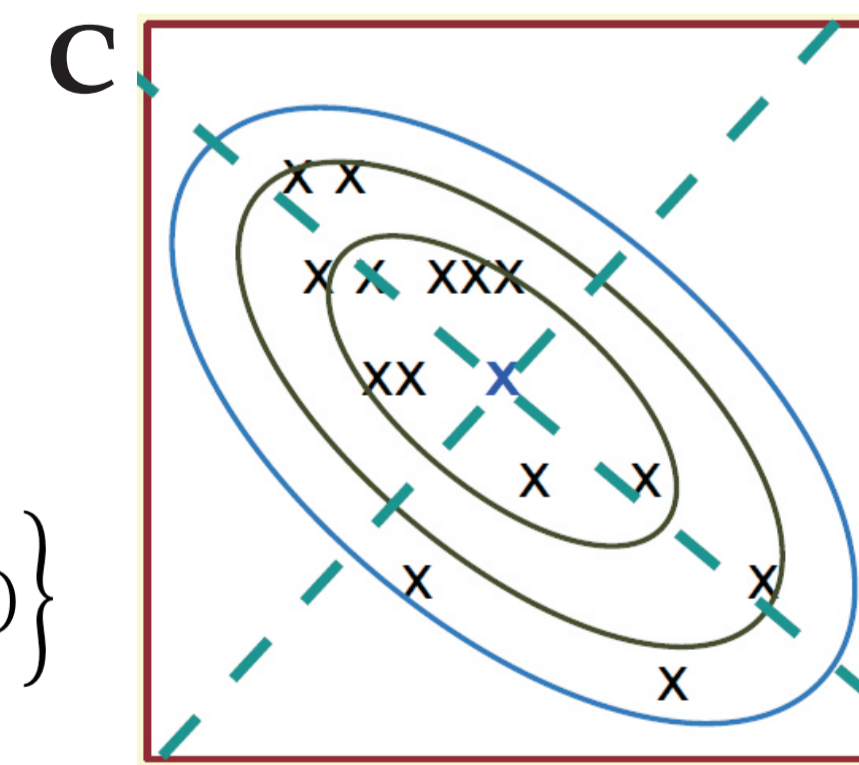
Altos = rojo, naranja
Medios = amarillo, verde
Bajos = azules

4.- Considerando el centroide de cada celda y los puntos que tenga, se calcula el estimador insesgado de su matriz de covarianza.

N_{ij} = Número de puntos $\bar{X}_{ij} = (\bar{x}_{ij}, \bar{y}_{ij})$ = Centroide
 k = Dato k-ésimo

$$\sum_{ij} = \frac{[(X_1 - \bar{X}_{ij}) \cdots (X_k - \bar{X}_{ij})][(X_1 - \bar{X}_{ij}) \cdots (X_k - \bar{X}_{ij})]^t}{N_{ij} - 1}$$

5.- Se contruye una función gaussiana para cada celda.



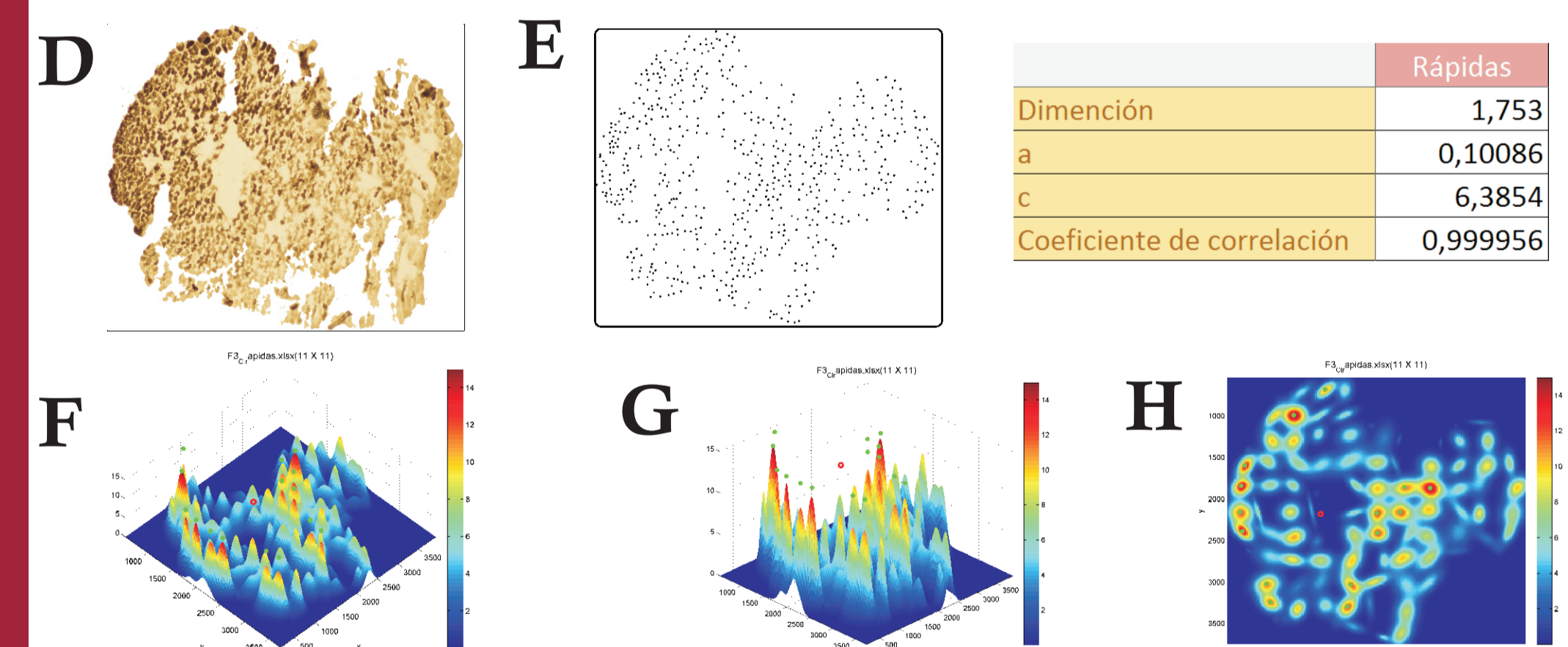
$$\Phi_{ij}(X) = N_{ij} \exp \left\{ \frac{1}{2} (X - \bar{X}_{ij})^t \sum_{ij}^{-1} (X - \bar{X}_{ij}) \right\}$$

6.- La función de distribución espacial se obtiene superponiendo linealmente las funciones de densidad de cada celda.

$$\Phi(x, y) = \sum_{ij} N_{ij} \Phi_{ij}(x, y)$$

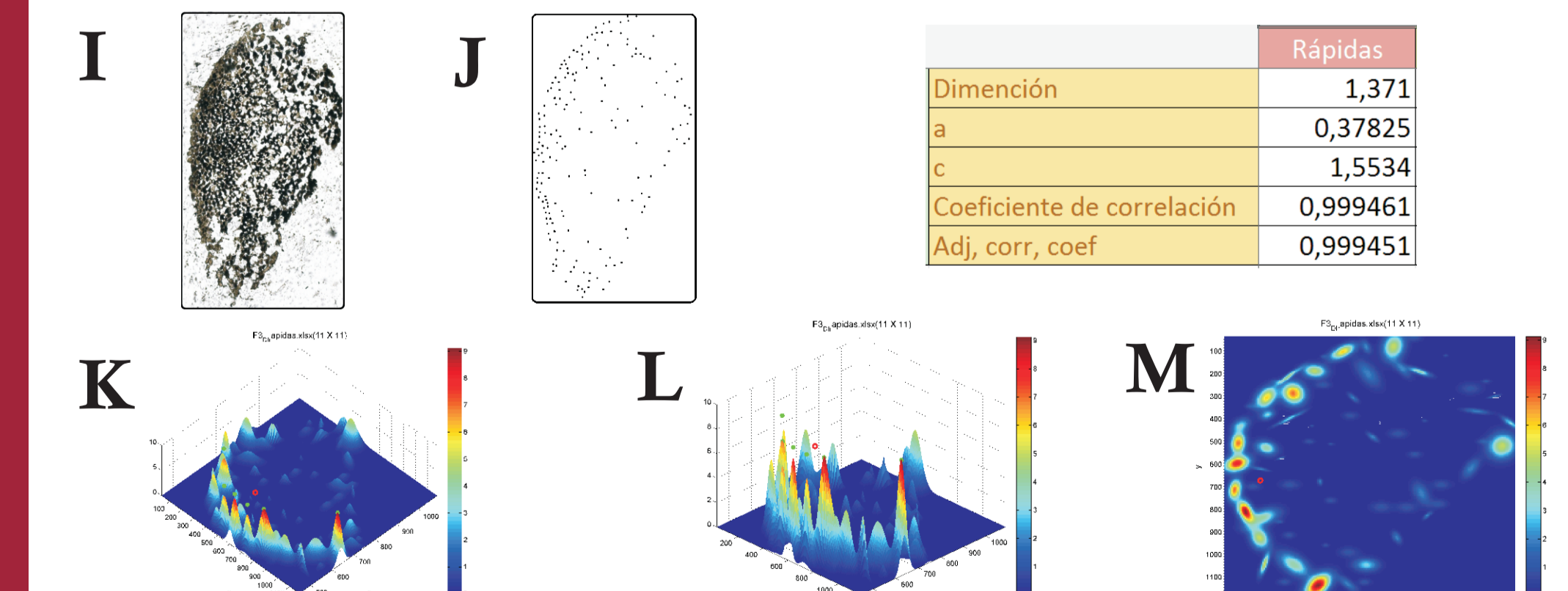
Por ejemplo: Fascículo 3_I_ATP fibras rápidas

Rata Control



	Rápidas
Dimensión	1,753
a	0,10086
c	6,3854
Coefficiente de correlación	0,999956

Rata Desnutrida



	Rápidas
Dimensión	1,371
a	0,37825
c	1,5534
Coefficiente de correlación	0,999461
Adj. corr. coef	0,999451

D Imagen del Fascículo 3, ATP_1 de la rata control. E Imagen binaria del Fascículo 3, ATP_1 fibras rápidas de la rata control. F Función de distribución par alas fibras rápidas del Fascículo 3, ATP_1 de la rata control. G Función de distribución par alas fibras rápidas del Fascículo 3, ATP_1, donde los puntos verdes representan los máximos locales y el rojo como el centroide de la rata control. H Vista superior de la función de distribución par alas fibras rápidas del Fascículo 3, ATP_1 de la rata control. I Imagen del Fascículo 3, ATP_1 de la rata desnutrida. J Imagen binaria del Fascículo 3, ATP_1 fibras rápidas de la rata desnutrida. K Función de distribución par alas fibras rápidas del Fascículo 3, ATP_1 de la rata desnutrida. L Función de distribución par alas fibras rápidas del Fascículo 3, ATP_1, donde los puntos verdes representan los máximos locales y el rojo como el centroide de la rata desnutrida. M Vista superior de la función de distribución par alas fibras rápidas del Fascículo 3, ATP_1 de la rata desnutrida.

CONCLUSIONES

- El método se puede aplicar a otros tipos de fibras musculares para determinar si tiene un comportamiento fractal o aleatorio.
- No se puede decir nada de las fibras lentas por medio de éste método ya que son muy pocos los datos que se obtienen de ellas.