



Universidad Politécnica
de Madrid

Escuela Técnica Superior de
Ingenieros Informáticos



Grado en Ingeniería Informática

Trabajo Fin de Grado

Estudio Cuantitativo de la Dirección de las Fibras Nerviosas en el Cerebro

Autor: Gonzalo Algaba Desviat

Cotutores: Ángel Merchán Pérez, Marta Turégano López

Madrid, Junio 2025

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

Trabajo Fin de Grado
Grado en Ingeniería Informática

Título: Estudio Cuantitativo de la Dirección de las Fibras Nerviosas en el Cerebro
Junio 2025

Autor: Gonzalo Algaba Desviat

Tutor: Ángel Merchán Pérez, Marta Turégano López
Departamento de Arquitectura y Tecnología de Sistemas Informáticos
Escuela Técnica Superior de Ingenieros Informáticos y Centro de Tecnología Biomédica
Universidad Politécnica de Madrid

Resumen

Comprender la compleja arquitectura de conexiones neuronales del cerebro representa uno de los desafíos más significativos de la neurociencia contemporánea. La caracterización precisa de la dirección de las fibras nerviosas es un elemento esencial para avanzar en la comprensión del funcionamiento normal del cerebro, el estudio de las alteraciones presentes en diversas enfermedades neurológicas, y otras áreas de investigación neurocientífica. Sin embargo, la alta densidad y la compleja organización tridimensional del tejido nervioso, especialmente en la corteza cerebral donde las fibras se cruzan abundantemente, limitan considerablemente los métodos de análisis tradicionales. Estos enfoques, a menudo basados en la observación microscópica manual, pueden llevar a interpretaciones subjetivas, imprecisas o incompletas, lo que afecta la fiabilidad de las investigaciones y frena el avance en el conocimiento de la arquitectura cerebral. Esta complejidad inherente del tejido neuronal evidencia la necesidad de herramientas computacionales avanzadas que permitan transformar esta información estructural en datos cuantitativos, objetivos y reproducibles.

El análisis de esta organización se apoya en técnicas de microscopía avanzada (confocal, electrónica) y herramientas de software para la reconstrucción 3D (NeuroLucida, Amira). No obstante, el estado del arte revela carencias significativas. La cuantificación direccional a menudo se basa en métodos geométricos simples, que pueden ser insuficientes para fibras complejas, o en herramientas computacionales que, aunque potentes, suelen estar dispersas y no cubren todo el flujo de trabajo. Se ha identificado una necesidad clara de una solución de software integrada y accesible que abarque desde la carga de reconstrucciones hasta la cuantificación robusta y la visualización interactiva de los resultados en un mismo entorno.

Para abordar este desafío, el presente Trabajo de Fin de Grado se ha centrado en el desarrollo de una nueva herramienta software, implementada en Python con librerías como NumPy y Scikit-learn, que ofrece un método automatizado, preciso y eficiente para cuantificar y analizar la orientación de fibras nerviosas a partir de reconstrucciones tridimensionales en formato .wrl. La metodología implementada aplica principios matemáticos rigurosos y validados en el campo, como el Análisis de Componentes Principales, para determinar el vector de dirección principal de cada fibra individual, y el Tensor de Estructura, para estimar una dirección promedio en conjuntos de fibras.

El sistema desarrollado ofrece un flujo de trabajo integrado con diferentes funcionalidades, como el cálculo de parámetros direccionales (ángulos respecto a ejes y coordenadas polares). Un aspecto destacado es su módulo de visualización interactiva, que genera múltiples representaciones gráficas coordinadas: mapas 3D de las trayectorias de las fibras (con sus vectores directores individuales y el promedio del conjunto), una esfera unitaria para interpretar la dirección promedio global, y un gráfico polar que muestra la distribución de

las orientaciones. Este enfoque multimodal de visualización enriquece significativamente la interpretación de los datos. Además, la robustez y precisión del sistema se han validado mediante una evaluación con datos sintéticos (errores angulares mínimos) y datos neuroanatómicos reales. Su interfaz gráfica, desarrollada con Dash, facilita una interacción intuitiva, y la exportación de resultados en formatos estándar (CSV, JSON) promueve la reproducibilidad y la posible integración con otras herramientas. El desarrollo iterativo, con pruebas exhaustivas, ha sido fundamental para refinar los algoritmos y asegurar la fiabilidad de la herramienta.

En conclusión, esta herramienta software representa una aportación importante a la neurociencia computacional, al proporcionar una solución automatizada, objetiva y precisa para el análisis cuantitativo de la direccionalidad de las fibras nerviosas. Al superar limitaciones de los métodos existentes, facilita un análisis más eficiente y fiable de la arquitectura cerebral, con potencial para impulsar avances en la modelización de la conectividad, la comprensión de patologías neurológicas y la enseñanza de neuroanatomía. Este trabajo no solo demuestra la aplicación exitosa de la ingeniería informática a un problema biomédico complejo, sino que también establece una base para futuras extensiones y desarrollos en este campo de investigación.

Palabras clave

Orientación de Fibras, Análisis Cuantitativo, Análisis de Componentes Principales, Tensor de Estructura, Visualización de la Orientación, Neurociencia Computacional, Conectividad Cerebral

Abstract

Understanding the complex architecture of neural connections in the brain represents one of the most significant challenges in contemporary neuroscience. The precise characterization of the direction of nerve fibers is essential for advancing our understanding of normal brain function, studying the alterations present in various neurological diseases, and other areas of neuroscientific research. However, the high density and complex three-dimensional organization of nervous tissue, especially in the cerebral cortex where fibers cross abundantly, considerably limits traditional methods of analysis. These approaches, often based on manual microscopic observation, can lead to subjective, inaccurate, or incomplete interpretations, which affects the reliability of research and slows progress in understanding brain architecture. This inherent complexity of neural tissue highlights the need for advanced computational tools that can transform this structural information into quantitative, objective, and reproducible data.

The analysis of this organization relies on advanced microscopy techniques (confocal, electron) and software tools for 3D reconstruction (NeuroLucida, Amira). However, the state of the art reveals significant shortcomings. Directional quantification is often based on simple geometric methods, which may be insufficient for complex fibers, or on computational tools that, although powerful, are often scattered and do not cover the entire workflow. A clear need has been identified for an integrated and accessible software solution that covers everything from loading reconstructions to robust quantification and interactive visualization of results in a single environment.

To address this challenge, this Final Degree Project has focused on the development of a new software tool, implemented in Python with libraries such as NumPy and Scikit-learn, which offers an automated, accurate, and efficient method for quantifying and analyzing the orientation of nerve fibers from three-dimensional reconstructions in .wrl format. The methodology implemented applies rigorous and validated mathematical principles in the field, such as Principal Component Analysis, to determine the principal direction vector of each individual fiber, and Structure Tensor, to estimate an average direction in fiber sets.

The developed system offers an integrated workflow with different functionalities, such as the calculation of directional parameters (angles with respect to axes and polar coordinates). A highlight is its interactive visualization module, which generates multiple coordinated graphical representations: 3D maps of fiber trajectories (with their individual direction vectors and the average of the set), a unit sphere to interpret the overall average direction, and a polar graph showing the distribution of orientations. This multimodal visualization approach significantly enriches the interpretation of the data. In addition,

the robustness and accuracy of the system have been validated through evaluation with synthetic data (minimal angular errors) and real neuroanatomical data. Its graphical interface, developed with Dash, facilitates intuitive interaction, and the export of results in standard formats (CSV, JSON) promotes reproducibility and possible integration with other tools. Iterative development, with extensive testing, has been instrumental in refining the algorithms and ensuring the reliability of the tool.

In conclusion, this software tool represents an important contribution to computational neuroscience by providing an automated, objective, and accurate solution for the quantitative analysis of nerve fiber directionality. By overcoming limitations of existing methods, it facilitates a more efficient and reliable analysis of brain architecture, with the potential to drive advances in connectivity modeling, understanding of neurological pathologies, and neuroanatomy education. This work not only demonstrates the successful application of computer engineering to a complex biomedical problem, but also establishes a foundation for future extensions and developments in this field of research.

Keywords

Fiber Orientation, Quantitative Analysis, Principal Component Analysis, Structure Tensor, Orientation Visualization, Computational Neuroscience, Brain Connectivity

Tabla de contenidos

Acrónimos	1
1. Introducción	3
1.1. Marco del proyecto	3
1.2. Motivación	3
1.3. Objetivo	4
1.4. Alcance del proyecto	4
1.5. Estructura del documento	5
2. Marco Teórico	7
2.1. Contexto neuroanatómico	7
2.1.1. Corteza cerebral: estructura general	7
2.1.2. Fibras nerviosas: axones y dendritas	7
2.1.3. Anisotropía: la organización direccional de las fibras nerviosas	9
2.2. Representación de datos espaciales	10
2.2.1. Modelado de trayectorias en 3D	10
2.2.2. El formato de archivo .wrl	11
2.3. Principios matemáticos para la cuantificación direccional	12
2.3.1. Análisis de Componentes Principales	12
2.3.2. Tensor de Estructura	14
3. Estado del Arte	17
3.1. El reto de cartografiar el cerebro: relevancia de la dirección de las fibras . . .	17
3.2. Fundamentos del análisis morfológico: adquisición y representación	18
3.2.1. Técnicas de microscopía para la reconstrucción 3D de fibras	18
3.2.2. De la imagen a la representación digital: reconstrucción y formatos .	20
3.3. Enfoques computacionales para la cuantificación direccional	21
3.3.1. Determinación de la orientación en fibras nerviosas individuales . . .	21
3.3.2. Caracterización direccional en conjuntos de fibras	23
3.3.3. Software de visualización de datos neuroanatómicos	24
3.4. Conclusiones	25
4. Desarrollo	27
4.1. Análisis	27
4.1.1. Usuarios del sistema	27
4.1.2. Análisis de requisitos	28

TABLA DE CONTENIDOS

4.2. Tecnologías utilizadas	30
4.2.1. Python y entorno de desarrollo	30
4.2.2. Librerías	31
4.3. Diseño y metodología	32
4.3.1. Visión general de la solución propuesta	32
4.3.2. Metodología	33
4.4. Implementación	36
4.4.1. Procesamiento de datos de entrada	36
4.4.2. Desarrollo del módulo de análisis cuantitativo	39
4.4.3. Desarrollo del módulo de visualización	41
4.4.4. Interfaz de usuario	45
5. Evaluación y Resultados	51
5.1. Metodología	51
5.1.1. Criterios de éxito y aspectos a evaluar	51
5.1.2. Métricas de evaluación	52
5.1.3. Plan de pruebas	52
5.1.4. Especificaciones del sistema	53
5.2. Evaluación	53
5.2.1. Evaluación del módulo de parseo de archivos	53
5.2.2. Evaluación del módulo de análisis para fibras individuales	53
5.2.3. Evaluación del módulo de análisis para conjuntos de fibras	54
5.2.4. Evaluación de las visualizaciones y usabilidad de la interfaz	55
5.2.5. Observaciones sobre el rendimiento	56
5.3. Resultados y discusión	56
5.4. Estado de requisitos	57
6. Análisis de impacto	61
7. Conclusiones y trabajo futuro	63
Bibliografía	65

Índice de figuras

2.1. Organización celular y laminar de la neocorteza. Se ilustran las seis capas de la corteza (de I a VI) junto con algunos tipos neuronales característicos de cada una [4].	8
2.2. Morfología funcional de la neurona [5].	9
2.3. Reconstrucción de fibras nerviosas de un ratón usando el software SegEM [13].	10
2.4. Visualización de un archivo en formato <code>.wr1</code>	12
2.5. Ilustración del Análisis de Componentes Principales (PCA) en 2D. Las componentes principales (PC1 y PC2) se muestran como líneas discontinuas rojas. PC1 captura la dirección de máxima varianza, mientras que PC2, ortogonal a la primera, recoge la varianza restante [19].	14
3.1. Reconstrucción tridimensional de la organización densa de fibras nerviosas en un volumen de tejido cortical [29].	18
3.2. Volúmenes 3D adquiridos utilizando diferentes técnicas, mostrados como imágenes originales en los planos x-y y como cortes transversales x-z a través de los volúmenes después de la alineación digital [33].	19
3.3. Estructuras nerviosas reconstruidas con el software Espina [40],[41]	20
3.4. Proceso de esqueletización de una fibra dendrítica y representación tridimensional de un conjunto de fibras esqueletizadas.	21
3.5. Ejemplo de fibra nerviosa reconstruida como polilínea, mostrando puntos críticos y tangentes locales para análisis geométrico [47].	22
3.6. Reconstrucción tridimensional de dendritas neuronales con NeuroLucida [53].	24
4.1. Índice de la Comunidad de Programación TIOBE.	30
4.3. Representación tridimensional de las trayectorias de fibras nerviosas individuales.	42
4.4. Representación tridimensional de las trayectorias de fibras nerviosas individuales y sus vectores direccionales.	42
4.5. Representación tridimensional de las trayectorias de fibras nerviosas individuales y su dirección promedio.	43
4.6. Representación tridimensional de las trayectorias de fibras nerviosas individuales, sus vectores direccionales y su dirección promedio.	43
4.7. Representación tridimensional de la dirección general del conjunto de fibras nerviosas proyectada sobre una esfera unitaria.	44

ÍNDICE DE FIGURAS

4.8. Gráfico polar que muestra las direcciones y ángulos de inclinación de las fibras nerviosas individuales (puntos coloreados) y de la dirección promedio general (estrella).	45
4.9. Interfaz Gráfica de Usuario (GUI) principal del sistema previo a la carga de archivos.	46
4.10. GUI principal del sistema con un conjunto de fibras cargado.	47
4.2. Diagrama de flujo del sistema.	49
4.11. Ejemplo de exportación de resultados de 2 fibras en formato JavaScript Object Notation (JSON).	50
4.12. Ejemplo de exportación de resultados de 2 fibras en formato Comma-Separated Values (CSV).	50

Acrónimos

TFG Trabajo de Fin de Grado
UPM Universidad Politécnica de Madrid
RF Requisitos Funcionales
RNF Requisitos No Funcionales
TIOBE The Importance of Being Earnest
GUI Interfaz Gráfica de Usuario
VRML Virtual Reality Modeling Language
PCA Análisis de Componentes Principales
ME Microscopía Electrónica
LSFM Light-Sheet Fluorescence Microscopy
ODF Funciones de Distribución de Orientación
NumPy Numerical Python
CSV Comma-Separated Values
JSON JavaScript Object Notation
GB GigaBytes
CTB Centro de Tecnología Biomédica
ODS Objetivos de Desarrollo Sostenible
PyPI Python Package Index

Capítulo 1

Introducción

1.1. Marco del proyecto

Este Trabajo de Fin de Grado (TFG) se centra en el desarrollo de un método que permita cuantificar y analizar la dirección predominante de las fibras nerviosas presentes en la corteza cerebral.

El objetivo principal del proyecto es proporcionar una herramienta precisa para determinar la dirección de las trayectorias seguidas tanto por fibras nerviosas individuales como por el conjunto de estas. De esta forma, se busca facilitar un análisis cuantitativo y visual de la distribución general de las direcciones de las fibras. Este análisis contribuirá al conocimiento de la organización estructural y funcional de la corteza cerebral.

1.2. Motivación

Este proyecto surge como respuesta a la necesidad de profundizar en el entendimiento de la organización estructural de la corteza cerebral, específicamente en lo referente a la dirección predominante de las fibras nerviosas que la componen.

El análisis tradicional mediante observación microscópica presenta dificultades considerables debido a la alta densidad y complejidad del entramado neuronal, lo que impide una identificación clara de la dirección que siguen las fibras nerviosas individuales. Esta limitación puede traducirse en interpretaciones imprecisas o incompletas del comportamiento funcional de estas estructuras, lo cual afecta directamente a la calidad y fiabilidad de las investigaciones neurocientíficas.

Asimismo, la posibilidad de identificar claramente la dirección predominante de las fibras nerviosas tiene implicaciones significativas para la investigación médica y neurocientífica. Una caracterización precisa de estos patrones direccionales podría contribuir notablemente al desarrollo de modelos más exactos del funcionamiento cerebral, facilitando potencialmente diagnósticos más efectivos y la creación de tratamientos mejor dirigidos en diversas condiciones neurológicas.

1.3. Objetivo

Los objetivos del método que se desea desarrollar en este trabajo pueden definirse de la siguiente manera:

- Desarrollar un método eficaz para determinar con precisión la dirección que siguen las fibras nerviosas individuales en la corteza cerebral, a partir de coordenadas espaciales contenidas en archivos tridimensionales.
- Facilitar el análisis cuantitativo y visual de múltiples fibras nerviosas simultáneamente, permitiendo obtener una dirección predominante del conjunto analizado.
- Permitir la exportación de datos cuantitativos sobre las direcciones obtenidas, de modo que puedan emplearse en estudios posteriores.

Para alcanzar estos objetivos, se establecen los siguientes objetivos específicos:

- Determinar y validar una estrategia matemática adecuada para establecer la dirección principal de cada fibra individual, partiendo del conjunto de puntos espaciales proporcionados en los archivos tridimensionales.
- Automatizar el método desarrollado para poder procesar eficientemente un gran número de fibras de manera simultánea.
- Realizar una prueba de concepto aplicando el método desarrollado a un conjunto real de fibras nerviosas extraídas de la corteza cerebral.
- Evaluar y seleccionar representaciones gráficas tridimensionales apropiadas para la visualización efectiva de las trayectorias de las fibras analizadas.

1.4. Alcance del proyecto

Dentro del alcance de este proyecto se encuentra el procesamiento de archivos de entrada `.wr1`, el cálculo de la dirección de las fibras individuales, así como el del conjunto de fibras al completo. También se incluye el cálculo de parámetros direccionales como ángulos respecto a los ejes cartesianos y coordenadas polares. Una parte fundamental es el desarrollo de un módulo de visualización 3D interactivo, que presenta las fibras y sus vectores de dirección en un entorno espacial, en una esfera unitaria y en un mapa polar. Complementariamente, se creará una GUI web para facilitar la carga de archivos, la interacción con las visualizaciones y la presentación de los resultados numéricos, junto con una funcionalidad para exportar dichos resultados a formatos CSV y JSON.

Queda fuera del alcance de este proyecto el trazado original de las fibras, ya que se parte de reconstrucciones preexistentes. Tampoco se abordarán análisis estadísticos avanzados, así como la interpretación neurocientífica avanzada de estos. A su vez, no se tendrá en cuenta la optimización del sistema para volúmenes extremadamente grandes de datos.

Esta delimitación del alcance permite concentrar los esfuerzos en la creación de una herramienta funcional y robusta, centrada específicamente en el análisis direccional de las fibras nerviosas.

1.5. Estructura del documento

El documento tiene la siguiente estructura:

- En el capítulo dos se describen los fundamentos teóricos y técnicos necesarios para el desarrollo del proyecto, incluyendo los conceptos geométricos y matemáticos implicados en el análisis de dirección de fibras.
- El capítulo tres presenta el estado del arte, donde se analizan los conocimientos actuales sobre la organización de las fibras nerviosas en la corteza cerebral y se revisan los métodos existentes para el análisis de trayectorias en datos tridimensionales.
- El capítulo cuatro detalla el desarrollo del proyecto, abarcando desde la definición del enfoque propuesto hasta su implementación práctica. Se describen las herramientas utilizadas, el proceso seguido y los métodos empleados para la automatización del análisis.
- El capítulo cinco expone la evaluación y los resultados del sistema, presentando la metodología de validación, los criterios de éxito, las métricas de evaluación y las pruebas realizadas. Se discuten los resultados de cada módulo y se revisa el cumplimiento de los requisitos.
- El capítulo seis evalúa el análisis de impacto del proyecto en diversos contextos como el personal, científico-técnico, social y educativo, y su alineación con los Objetivos de Desarrollo Sostenible (ODS).
- Finalmente, el capítulo siete recoge las conclusiones del trabajo y plantea posibles líneas de mejora y ampliación para futuros desarrollos relacionados con el análisis de fibras nerviosas en datos tridimensionales.

Capítulo 2

Marco Teórico

2.1. Contexto neuroanatómico

2.1.1. Corteza cerebral: estructura general

Las funciones cognitivas superiores —como la percepción sensorial, el lenguaje, el razonamiento y la memoria— residen en la corteza cerebral. Esta capa, la más externa del cerebro, representa la estructura más compleja y desarrollada del sistema nervioso [1].

Si se observa su organización interna, la neocorteza (la parte más evolucionada de la corteza) se estructura en seis capas horizontales (véase Figura 2.1). Cada una de estas capas tiene una composición de células y un patrón de conexiones que la hace única, y esta organización varía según la función de cada área del cerebro [2]. Fue Santiago Ramón y Cajal quien sentó las bases para entender esta estructura. Con su *doctrina de la neurona*, estableció que el tejido nervioso está compuesto por células individuales, las **neuronas**, como unidades fundamentales del sistema [3]. Su trabajo también fue pionero en descubrir que las neuronas se comunican entre sí mediante prolongaciones especializadas. Estas prolongaciones forman el complejo *cableado de la corteza* y son lo que conocemos como fibras nerviosas, compuestas principalmente por axones y dendritas.

2.1.2. Fibras nerviosas: axones y dendritas

La comunicación dentro de los complejos circuitos del cerebro se lleva a cabo a través de las **fibras nerviosas**. Estas estructuras, que emergen del cuerpo o *soma* de las neuronas, actúan como el sistema de “cableado” que permite el flujo de información (véase Figura 2.2).

Se distinguen fundamentalmente dos tipos de fibras, definidas por su función en la transmisión de la señal: las que envían información y las que la reciben.

Axones: las vías de transmisión

El **axón** actúa como el “cable de transmisión” de la neurona. Se trata de una prolongación, generalmente única y larga, cuya función es conducir los impulsos eléctricos de manera unidireccional: desde el cuerpo celular hacia otras células.

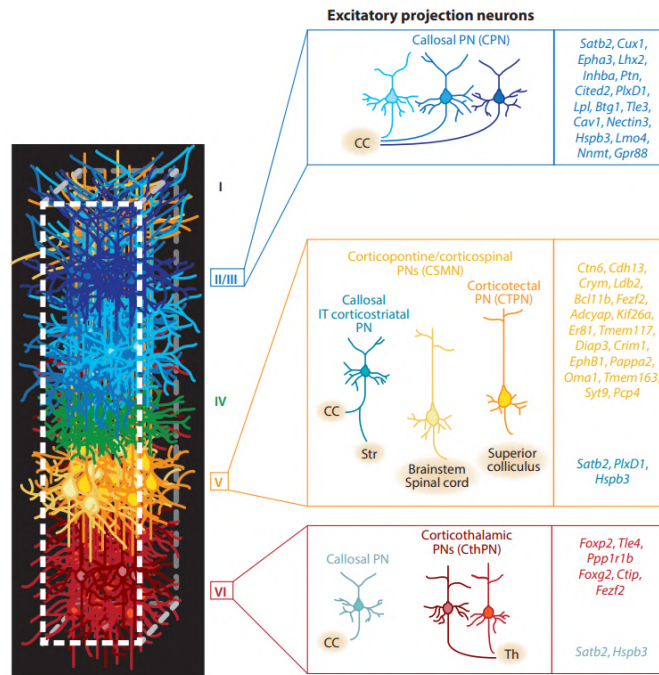


Figura 2.1: Organización celular y laminar de la neocorteza. Se ilustran las seis capas de la corteza (de I a VI) junto con algunos tipos neuronales característicos de cada una [4].

Aunque una neurona solo posee un axón, este puede ramificarse en su extremo final, lo que le permite transmitir información simultáneamente a un gran número de células diana (otras neuronas, músculos o glándulas). El punto final de esta transmisión ocurre en los botones sinápticos, donde el axón libera mensajeros químicos, conocidos como neurotransmisores, para comunicarse con la siguiente célula del circuito [6].

Dendritas: las antenas receptoras

Si el axón es la vía de transmisión, las **dendritas** son las “antenas” de la neurona, especializadas en la recepción de señales. A diferencia del axón, las neuronas suelen tener múltiples dendritas que se ramifican abundantemente, formando una estructura que se asemeja a la copa de un árbol.

Esta compleja ramificación les permite captar simultáneamente los mensajes procedentes de miles de otras neuronas. Para maximizar esta capacidad, muchas dendritas están recubiertas de diminutas protuberancias llamadas *espinas dendríticas*. Cada espina funciona como un punto de conexión individual (*sinapsis*), por lo que su presencia multiplica enormemente la cantidad de información que una neurona puede procesar [7].

El resultado de esta vasta red de axones y dendritas interconectados en la corteza es el **neuropilo**: un tejido de una gran densidad que constituye el verdadero centro de procesamiento del cerebro. Es donde se establece la gran mayoría de las conexiones sinápticas [8], y es la morfología, longitud y la trayectoria y orientación de estas fibras lo que determina la especificidad y eficiencia de los circuitos neuronales.

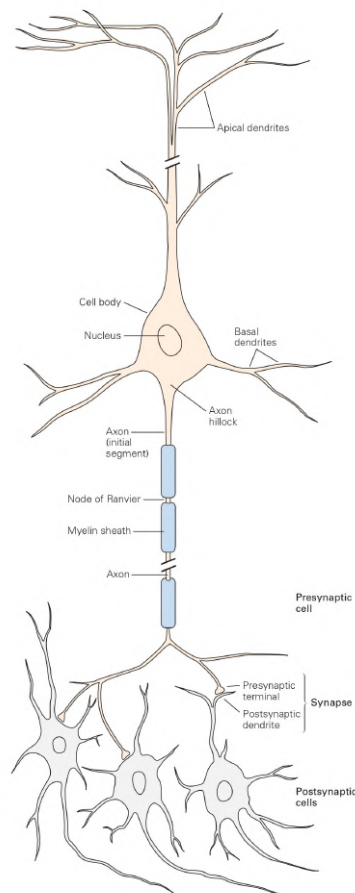


Figura 2.2: Morfología funcional de la neurona [5].

2.1.3. Anisotropía: la organización direccional de las fibras nerviosas

La densa red de axones y dendritas que forma el neuropilo no está organizada de forma caótica. Al contrario, las fibras nerviosas siguen direcciones preferentes que responden a la función de cada región del cerebro. Esta organización direccional es clave tanto a gran escala como a pequeña escala.

A gran escala, esto se ve en los grandes fascículos de sustancia blanca, que actúan como las principales “autopistas” por las que viaja la información entre distintas áreas cerebrales [9]. A pequeña escala, dentro de la corteza, las fibras también muestran patrones muy específicos. Por ejemplo, es muy común que la mayoría de las fibras se orienten de forma perpendicular a la superficie del cerebro. Esta disposición, a menudo llamada *organización columnar*, es clave para procesar la información a través de las diferentes capas de la corteza [10]. Al mismo tiempo, otras fibras corren de forma paralela a la superficie, conectando neuronas dentro de la misma capa o entre zonas vecinas.

Por todo esto, entender cómo se orientan estas fibras es un paso crucial. Analizar en detalle su forma, longitud y trayectoria nos da las claves para comprender cómo se construyen los circuitos del cerebro y, en definitiva, cómo procesan la información.

2.2. Representación de datos espaciales

Tras haber contextualizado la naturaleza de las fibras nerviosas en la corteza cerebral y la relevancia fundamental de analizar su direccionalidad, es imperativo abordar cómo estas estructuras tridimensionales se traducen en un formato manejable para su estudio computacional. El análisis cuantitativo y la visualización detallada de las trayectorias de las fibras, como los que se persiguen en este trabajo, dependen críticamente de una representación digital precisa de su morfología y disposición espacial.

En las siguientes subsecciones, se explorarán los modelos empleados para describir digitalmente las trayectorias y se detallarán los formatos de archivo que facilitan la reconstrucción y el análisis de estas complejas estructuras biológicas.

2.2.1. Modelado de trayectorias en 3D

El modelado de trayectorias neuronales en 3D consiste en la representación digital de las fibras nerviosas de manera que capture su forma y recorrido original. Esta representación debe preservar la morfología (forma y tamaño), la topología (conectividad) y la orientación espacial de las fibras originales.

El propósito principal de este modelado es convertir la complicada red de neuronas de nuestro cerebro en algo que podamos medir y analizar en un ordenador [11]. Al tener una representación tridimensional de las fibras nerviosas, podemos estudiar de forma sistemática sus características y extraer información clave sobre su forma, recorrido y conexiones (véase Figura 2.3).

La precisión de estas representaciones es crítica. Una simplificación excesiva o una representación inexacta de las trayectorias podría conducir a conclusiones erróneas sobre la arquitectura cortical [12]. Por ello, modelar correctamente las fibras no consiste solo en dibujarlas en 3D, sino en asegurar que la estructura subyacente se conserva intacta. Para almacenar y gestionar estos datos con la precisión requerida, se emplean formatos de archivo especializados.

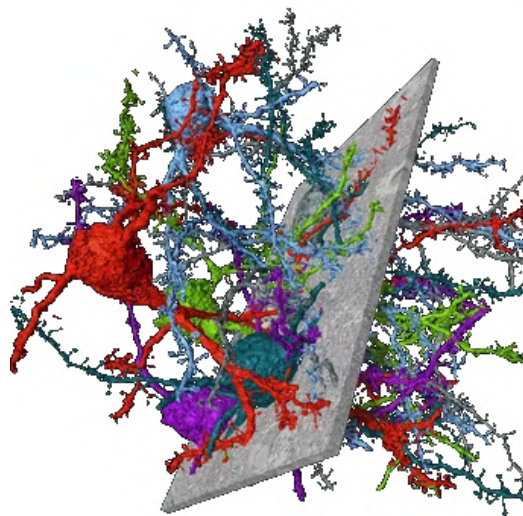


Figura 2.3: Reconstrucción de fibras nerviosas de un ratón usando el software SegEM [13].

2.2.2. El formato de archivo .wrl

Para almacenar y visualizar los modelos tridimensionales de objetos neuroanatómicos, se requiere un formato de archivo robusto. Uno de los estándares más extendidos para este fin es el Virtual Reality Modeling Language (VRML), que utiliza la extensión de archivo `.wrl`.

Desarrollado originalmente en 1994 por pioneros como Mark Pesce, Tony Parisi y Gavin Bell, el objetivo inicial de VRML era crear entornos inmersivos de realidad virtual [14]. Sin embargo, su capacidad para describir eficientemente escenas y objetos 3D complejos lo convirtió en una herramienta muy valiosa para la visualización científica, mucho más allá de su aplicación original.

En el contexto de la neurociencia computacional, este formato es particularmente útil. Permite definir la trayectoria del objeto mediante una serie de coordenadas 3D y, al mismo tiempo, almacenar sus atributos visuales, como el color, el grosor o la apariencia del material. Una ventaja adicional es su formato basado en texto, lo que facilita tanto la inspección y modificación manual de los datos como su generación mediante software.

A continuación, se presenta un ejemplo de un archivo `.wrl` simple, que define la geometría y el color de varios segmentos de línea, junto a su visualización gráfica en la figura 2.4.

```
#VRML V2.0 utf8
Background {
  skyColor [0 0 0]
}

Viewpoint {
  position 0 0 10
  description "Mini View"
}

DirectionalLight {
  direction 0 0 -1
  color 1 1 1
}

Transform {
  children [
    Shape {
      appearance Appearance {
        material Material {
          diffuseColor 1 0 0
        }
      }
      geometry IndexedLineSet {
        coord Coordinate {
          point [0 0 0, 1 1 0, 2 0 0, 1 -1 0]
        }
        coordIndex [0, 1, -1, 1, 2, -1, 2, 3, -1, 3, 0, -1]
      }
    }
  ]
}
```

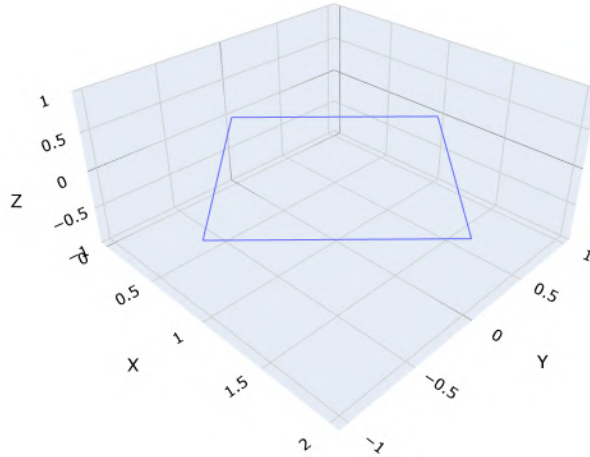


Figura 2.4: Visualización de un archivo en formato `.wrl`.

2.3. Principios matemáticos para la cuantificación direccional

Una vez dispuesta la representación tridimensional de las fibras nerviosas, el siguiente paso es obtener datos cuantitativos a partir de ella. Más allá de la mera visualización, el objetivo es comprender y caracterizar numéricamente las características de estas fibras [15]. Entre los datos que pueden ser relevantes, encontramos su dirección y orientación predominante en el espacio de la corteza en que se encuentran [9].

Esto implica responder a preguntas clave como: ¿cuál es la orientación de una fibra individual?, ¿existe una dirección preferente en una región determinada?, y ¿cómo podemos describir y comparar estas orientaciones de forma sistemática? [16]. Abordar estas cuestiones exige un marco matemático capaz de transformar las coordenadas geométricas contenidas en los archivos 3D en métricas direccionales que sean significativas y analizables.

2.3.1. Análisis de Componentes Principales

Dentro del conjunto de herramientas matemáticas disponibles que permitan una cuantificación direccional, destaca como técnica estadística fundamental y ampliamente utilizada. El PCA es un método que permite simplificar la complejidad de conjuntos de datos con múltiples variables, transformándolos en un nuevo conjunto de variables ortogonales (no correlacionadas), denominadas **componentes principales**. Estas componentes se ordenan de mayor a menor según la cantidad de varianza original que explican [17].

El objetivo principal del PCA es, por tanto, reducir la dimensionalidad de los datos reteniendo la mayor cantidad de información o variabilidad presente en el conjunto de datos original. En el contexto de trayectorias lineales representadas como una secuencia de puntos o coordenadas geométricas en un espacio tridimensional (definidos por sus coordenadas x, y, z), el PCA ofrece un método robusto para identificar su eje direccional principal, es decir, la dirección que maximiza la varianza de los datos [18].

2.3. Principios matemáticos para la cuantificación direccional

Matemáticamente, la aplicación del PCA a un conjunto de coordenadas que describen una estructura, comienza con el cálculo de su **matriz de covarianza**, que describe la dispersión de la nube de puntos y cómo sus coordenadas varían conjuntamente. Para un conjunto de N puntos 3D centrados en el origen (a los que se les ha restado la media $\bar{\mathbf{p}}$), la matriz de covarianza C se puede estimar como:

$$C = \frac{1}{N-1} \sum_{i=1}^N (\mathbf{p}_i - \bar{\mathbf{p}})(\mathbf{p}_i - \bar{\mathbf{p}})^T,$$

donde $\mathbf{p}_i = [x_i, y_i, z_i]^T$ es el vector de coordenadas del i -ésimo punto. De forma explícita, la matriz de covarianza C es una matriz simétrica de 3×3 :

$$C = \begin{pmatrix} \text{var}(x) & \text{cov}(x, y) & \text{cov}(x, z) \\ \text{cov}(y, x) & \text{var}(y) & \text{cov}(y, z) \\ \text{cov}(z, x) & \text{cov}(z, y) & \text{var}(z) \end{pmatrix},$$

donde $\text{var}(x)$ es la varianza de la coordenada x (p. ej., $\text{cov}(x, x)$), y $\text{cov}(x, y)$ es la covarianza entre las coordenadas x e y .

El siguiente paso sería encontrar los autovectores y autovalores resolviendo la ecuación característica:

$$C\mathbf{v} = \lambda\mathbf{v},$$

donde v es un autovector (que representa la dirección de una componente principal) y λ es el autovalor correspondiente (que indica la magnitud de la varianza de los datos proyectados sobre la dirección de \mathbf{v}).

La **primera componente principal** es el autovector \mathbf{v}_1 asociado al mayor autovalor λ_1 . Esta dirección \mathbf{v}_1 es la que captura la máxima varianza en los datos. Geométricamente, \mathbf{v}_1 es el vector que se alinea con el eje longitudinal principal de la nube de puntos que representa la estructura, proporcionando así una estimación cuantitativa de su dirección general. Las otras dos componentes, ortogonales a la primera, describen la dispersión de los datos en el plano perpendicular, pero para la determinación de la dirección, la primera componente (\mathbf{v}_1) es la de mayor interés.

De esta manera, el PCA facilita la extracción de un descriptor direccional a partir de los datos geométricos. La figura 2.5 ilustra cómo el PCA identifica los componentes principales en un conjunto de datos, capturando las direcciones de máxima varianza.

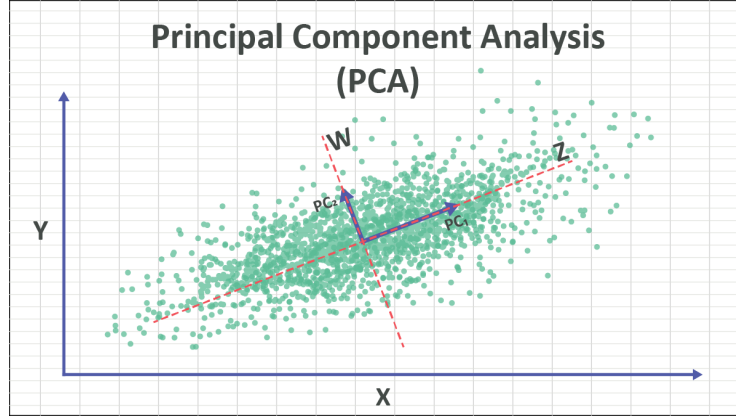


Figura 2.5: Ilustración del PCA en 2D. Las componentes principales (PC1 y PC2) se muestran como líneas discontinuas rojas. PC1 captura la dirección de máxima varianza, mientras que PC2, ortogonal a la primera, recoge la varianza restante [19].

2.3.2. Tensor de Estructura

Aunque el PCA es un método efectivo para encontrar la dirección promedio de una estructura tridimensional, cuando el objetivo es hallar la dirección de un conjunto de estructuras que forman una red más compleja, o facilitar el cálculo de una dirección promedio representativa, el **tensor de estructura** emerge como una herramienta más poderosa y adaptada [20].

El tensor de estructura es una matriz que resume la orientación predominante de las estructuras contenidas en una pequeña vecindad o ventana de análisis. En lugar de dar una única dirección para todo el objeto, permite investigar la direccionalidad local, discerniendo si en esa pequeña región existe una orientación preferente y cuál es [20].

Para aplicar el tensor de estructura, las representaciones geométricas de las fibras se suelen **voxelizar**, es decir, se convierten en una imagen volumétrica 3D. En esta imagen, cada vóxel (el equivalente a un píxel en 3D) tiene una intensidad I , que representa, por ejemplo, la presencia o ausencia de una fibra. A partir de esta imagen volumétrica, se calculan los gradientes de intensidad en las tres direcciones del espacio: $I_x = \frac{\partial I}{\partial x}$, $I_y = \frac{\partial I}{\partial y}$, $I_z = \frac{\partial I}{\partial z}$.

Con estos componentes del gradiente, el tensor de estructura J_{3D} se formula para una vecindad Ω como la siguiente matriz simétrica de 3x3:

$$J_{3D} = \sum_{(x,y,z) \in \Omega} w(x,y,z) \begin{pmatrix} I_x^2 & I_x I_y & I_x I_z \\ I_y I_x & I_y^2 & I_y I_z \\ I_z I_x & I_z I_y & I_z^2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \sum w I_x^2 & \sum w I_x I_y & \sum w I_x I_z \\ \sum w I_y I_x & \sum w I_y^2 & \sum w I_y I_z \\ \sum w I_z I_x & \sum w I_z I_y & \sum w I_z^2 \end{pmatrix},$$

donde $w(x,y,z)$ es una función de ponderación espacial, como podría ser una ventana Gaussiana, que asigna una influencia mayor a los puntos situados cerca del centro de la vecindad Ω .

Alternativamente, y de forma más directa, cuando se parte de un conjunto de vectores de dirección ya calculados (como los obtenidos mediante PCA para cada fibra), el tensor

2.3. Principios matemáticos para la cuantificación direccional

se construye promediando el producto exterior (o producto tensorial) de cada vector de dirección individual v :

$$\mathbf{C}_{\text{avg}} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \mathbf{v}_i \mathbf{v}_i^T$$

Este enfoque mitiga los problemas de un simple promedio vectorial, donde las direcciones opuestas podrían anularse entre sí, ofreciendo un resultado más robusto.

Independientemente del método de construcción, la interpretación de esta matriz es análoga a la del PCA: se calculan sus autovectores ($\mathbf{v}_1, \mathbf{v}_2, \mathbf{v}_3$) y autovalores ($\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \lambda_3$). El autovector \mathbf{v}_1 , asociado al autovalor más grande λ_1 , apunta en la dirección de *máxima coherencia estructural*, es decir, la orientación predominante de la vecindad [20].

En consecuencia, el tensor de estructura se presenta como un método matemático de gran valor para el análisis detallado de la organización de estructuras tridimensionales.

Capítulo 3

Estado del Arte

3.1. El reto de cartografiar el cerebro: relevancia de la dirección de las fibras

La comprensión de la red de conexiones neuronales que subyace a la función cerebral es uno de los principales desafíos de la neurociencia actual. El mapeo detallado de estas conexiones, conocido como la *caracterización del conectoma*, es esencial no solo para entender los mecanismos que sustentan la cognición y el comportamiento en condiciones normales, sino también para identificar las alteraciones estructurales presentes en diversas patologías neurológicas y psiquiátricas [21], [22]. Dentro de este contexto, el análisis de la dirección de las fibras nerviosas resulta especialmente importante. Permite reconstruir con precisión las trayectorias axonales y dendríticas y estudiar su organización tridimensional, un aspecto clave para entender tanto el funcionamiento cerebral como los cambios que ocurren en situaciones de enfermedad [23], [24]. Avanzar en este campo depende de manera directa del desarrollo y la aplicación de técnicas capaces de superar las limitaciones de escala y resolución, facilitando así una caracterización más precisa de la arquitectura cerebral [25].

El estudio de la orientación de las fibras es una tarea especialmente compleja. La arquitectura del cerebro tiene una organización que abarca desde el nivel microscópico de los componentes axonales, como los microfilamentos, hasta grandes tractos de sustancia blanca que conectan regiones cerebrales separadas por varios centímetros [25]. Resolver las trayectorias de estas fibras en grandes áreas mientras se mantiene una alta resolución supone un reto técnico considerable. Esto es aún más difícil en zonas con alta densidad de fibras, donde estas se cruzan y entremezclan [26]. Por ello, cuantificar de forma precisa la orientación tridimensional de cada segmento de fibra es clave para seguir sus trayectorias y comprender la estructura global [23], [27]. La presencia de fibras que se cruzan o se mezclan en un mismo punto es uno de los principales obstáculos para las técnicas actuales (véase Figura 3.1), lo que complica enormemente la interpretación de la arquitectura conectiva en dicha región [28]. No resolver adecuadamente estas configuraciones puede llevar a interpretaciones erróneas y a la creación de mapas de conectividad incompletos o inexactos [16].

Ante esta complejidad, es necesario ir más allá de la simple visualización de las fibras nerviosas. Resulta esencial desarrollar y aplicar métodos cuantitativos fiables que ofrezcan

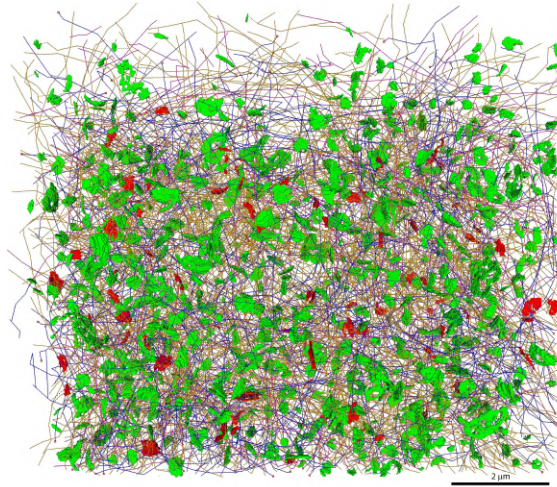


Figura 3.1: Reconstrucción tridimensional de la organización densa de fibras nerviosas en un volumen de tejido cortical [29].

mediciones objetivas y reproducibles de la dirección de las fibras [30]. La transición de herramientas observacionales a enfoques cuantitativos sólidos es uno de los objetivos clave en este campo [31]. Esta cuantificación no implica solo medir ángulos; también supone distinguir múltiples orientaciones presentes en un mismo punto, evaluar la coherencia direccional de un conjunto de fibras y, muy importante, estimar la fiabilidad de estas mediciones, especialmente en regiones con una arquitectura muy compleja.

En consecuencia, el avance en este campo depende del desarrollo de herramientas como la que se propone en este TFG: un sistema que automatice la cuantificación direccional a partir de reconstrucciones 3D y ofrezca un análisis visual e interactivo, superando las limitaciones de los métodos manuales y puramente observacionales.

3.2. Fundamentos del análisis morfológico: adquisición y representación

La capacidad para analizar cuantitativamente la morfología y la dirección de las fibras nerviosas depende, en primera instancia, de la obtención de representaciones tridimensionales precisas de estas estructuras. Este proceso involucra dos etapas fundamentales: la **adquisición** de imágenes de alta resolución mediante diversas técnicas de microscopía y, posteriormente, la **transformación** de estas imágenes en modelos digitales que puedan ser procesados computacionalmente.

3.2.1. Técnicas de microscopía para la reconstrucción 3D de fibras

La reconstrucción tridimensional detallada de fibras nerviosas individuales o de pequeños haces de fibras requiere técnicas de imagen capaces de resolver estructuras finas dentro de tejidos densos. La microscopía óptica, y en particular la microscopía confocal, ha sido ampliamente utilizada para obtener imágenes tridimensionales de tejido cerebral con una resolución suficiente para visualizar axones y dendritas marcados con fluorescencia [32].

3.2. Fundamentos del análisis morfológico: adquisición y representación

Esta técnica permite adquirir series de secciones ópticas que, posteriormente, pueden ser apiladas para generar un volumen 3D.

Para alcanzar resoluciones aún mayores ha sido fundamental, especialmente en el campo de la conectómica a escala nanométrica [33]. La Microscopía Electrónica (ME) permite visualizar detalles ultraestructurales de las neuronas y sus conexiones sinápticas (véase Figura 3.2), aunque el procesamiento de las muestras y la adquisición de grandes volúmenes de datos suelen ser procesos laboriosos y técnicamente exigentes.

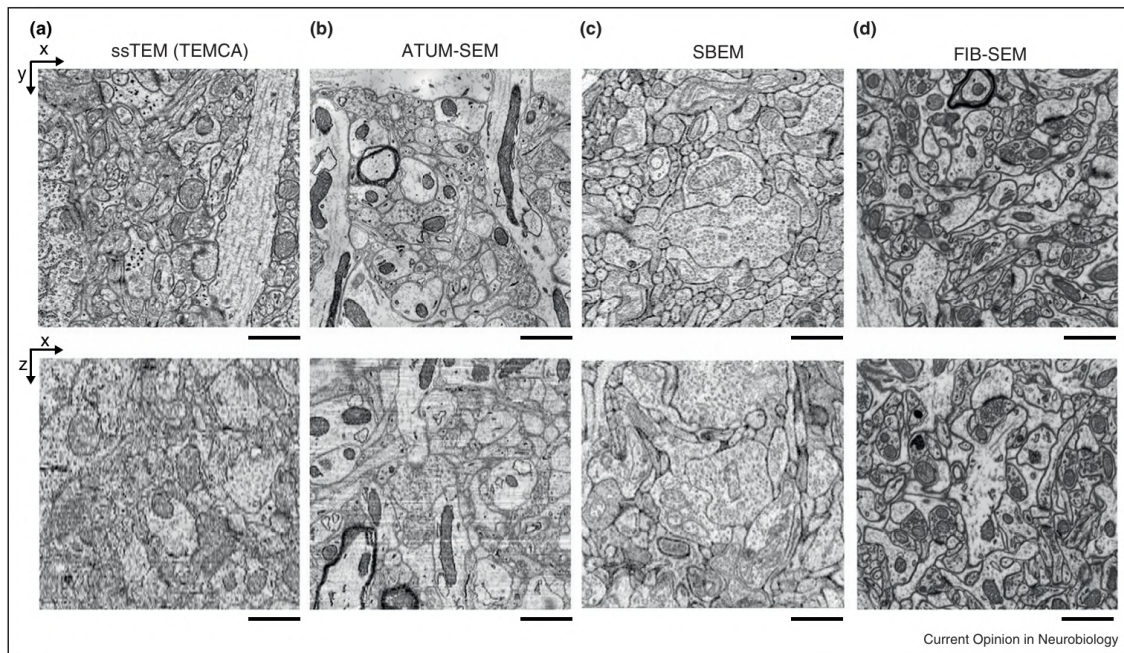


Figura 3.2: Volúmenes 3D adquiridos utilizando diferentes técnicas, mostrados como imágenes originales en los planos x-y y como cortes transversales x-z a través de los volúmenes después de la alineación digital [33].

En los últimos años, han emergido técnicas de microscopía de hoja de luz (Light-Sheet Fluorescence Microscopy (LSFM)) como una alternativa prometedora para la obtención de imágenes de grandes volúmenes de tejido cerebral, incluso cerebros enteros de pequeños animales, con una velocidad de adquisición relativamente alta y un fotodaño reducido [34]. Estas técnicas, combinadas con métodos de clareado de tejidos que vuelven las muestras transparentes, están abriendo nuevas vías para el mapeo de proyecciones neuronales a larga distancia [35].

Es importante destacar que la elección de la técnica de microscopía depende de múltiples factores, incluyendo la escala del análisis (fibras individuales frente a tractos largos), la resolución requerida, el tipo de marcaje utilizado y las características específicas de la muestra biológica. No obstante, todas ellas comparten el objetivo común de proporcionar los datos de imagen primarios que servirán de base para la posterior reconstrucción y análisis digital.

3.2.2. De la imagen a la representación digital: reconstrucción y formatos

Una vez adquiridas las imágenes microscópicas, el siguiente paso es transformarlas en una representación digital y cuantitativa. Este proceso, conocido genéricamente como *reconstrucción neuronal* o *trazado de neuritas*, implica la identificación y delineación de las trayectorias de los axones y las dendritas a través del volumen de imagen [36]. Tradicionalmente, este ha sido un proceso manual o semiautomatizado, que consume mucho tiempo y es propenso a la subjetividad del operador, especialmente en imágenes complejas o con bajo contraste [37].

Para abordar estos desafíos, se han desarrollado numerosos algoritmos y herramientas software que buscan facilitar la reconstrucción neuronal (véase Figura 3.3). Estos métodos pueden basarse en diversos principios, como el seguimiento de caminos de mínimo coste, el filtrado de imágenes para realzar estructuras filamentosas, o el uso de modelos deformables (por ejemplo, snakes o contornos activos) [38]. A pesar de los avances significativos, la reconstrucción completamente automatizada y libre de errores sigue siendo un objetivo difícil de alcanzar, y a menudo se requiere una fase de curación o corrección manual por parte de expertos [39].

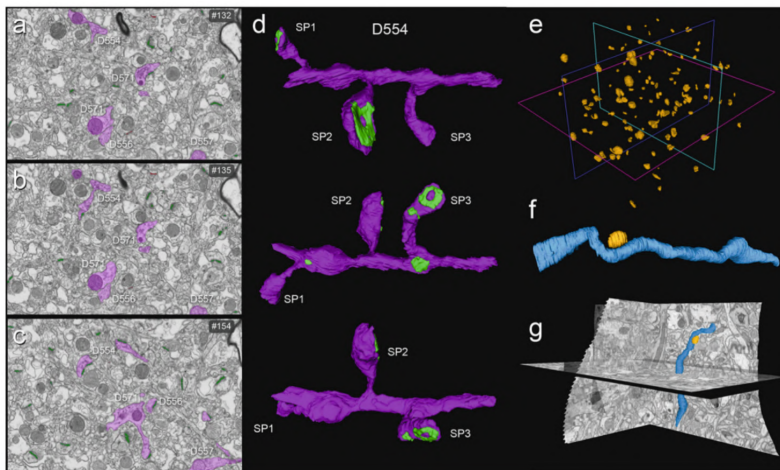


Figura 3.3: Estructuras nerviosas reconstruidas con el software Espina [40],[41]

Es importante considerar que, especialmente cuando se trabaja con grandes volúmenes de tejido que presentan una alta densidad de fibras, la reconstrucción volumétrica a una escala pequeña puede generar representaciones visuales que aparecen como bloques sólidos, al estar tan comprimidas las fibras. Para solventar esta limitación y facilitar un procesamiento más eficiente, Turegano-Lopez et al. [29] describen cómo el trazado de fibras individuales para obtener una representación esqueletizada transforma la densa red formada por axones y dendritas en una estructura significativamente más manejable para la extracción de datos cuantitativos (véase Figura 3.4).

Finalmente, estas reconstrucciones se almacenan comúnmente en formatos de archivo específicos que codifican su geometría usualmente como una serie de puntos o segmentos conectados en el espacio 3D, junto con otros atributos como el diámetro local o el tipo de compartimento neuronal. Uno de los formatos más extendidos en la comunidad neurocién-

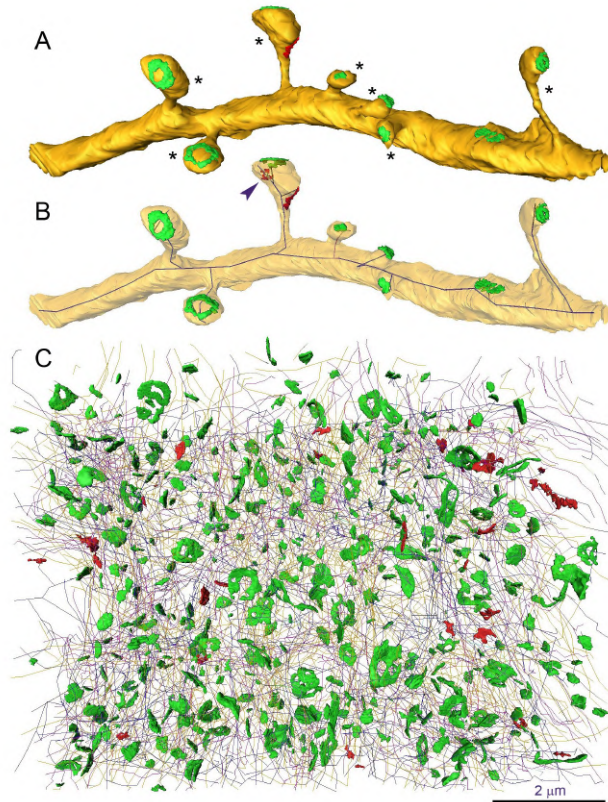


Figura 3.4: Proceso de esqueletización de una fibra dendrítica y representación tridimensional de un conjunto de fibras esqueletizadas.

tífica es el formato SWC, que representa las neuronas como un árbol de compartimentos cilíndricos [42]. Otros formatos, como VRML, permiten definir geometrías 3D más generales, incluyendo las polilíneas que describen las trayectorias. El formato `.wrl`, gracias a su capacidad para describir escenas 3D complejas mediante nodos como `IndexedLineSet` y `Coordinate`, es particularmente relevante para el presente trabajo, ya que constituye el formato de entrada para los datos de fibras nerviosas que se analizarán. La elección del formato de archivo puede influir en la interoperabilidad entre diferentes herramientas de software y en la facilidad con la que se pueden extraer los datos geométricos para análisis cuantitativos posteriores.

3.3. Enfoques computacionales para la cuantificación direccional

3.3.1. Determinación de la orientación en fibras nerviosas individuales

Una vez se dispone de una representación tridimensional de una fibra nerviosa, el siguiente paso consiste en cuantificar su orientación predominante. Este análisis es fundamental para comprender cómo se organizan las fibras individuales que comprenden la arquitectura general del tejido. Se han explorado diversos enfoques para estimar la dirección del tejido

cerebral a partir de su disposición espacial [43].

Métodos basados en la geometría de la fibra reconstruida

Los enfoques más directos para determinar la orientación de una fibra se basan en el análisis de su propia geometría, representada típicamente como una secuencia de puntos o segmentos en el espacio tridimensional [44].

Si la fibra se modela como una polilínea (figura geométrica compuesta por una secuencia de segmentos de línea rectos y/o curvos conectados de forma continua), una aproximación sencilla consiste en calcular el vector que une el punto inicial y el punto final de la fibra (o de un segmento significativo de la misma) para obtener una estimación de su dirección predominante [45]. Sin embargo, esta aproximación puede ser demasiado simplista para fibras largas y muy curvadas, ya que no captura las variaciones locales de orientación.

Otros métodos se centran en analizar la dirección de los segmentos individuales que componen la fibra. Por ejemplo, se puede calcular la tangente local en cada punto de la fibra, promediando después estas tangentes (considerando su magnitud y sentido) para obtener una dirección representativa (véase Figura 3.5) [46]. No obstante, el cálculo de tangentes puede ser sensible al ruido o a la discretización de la reconstrucción.

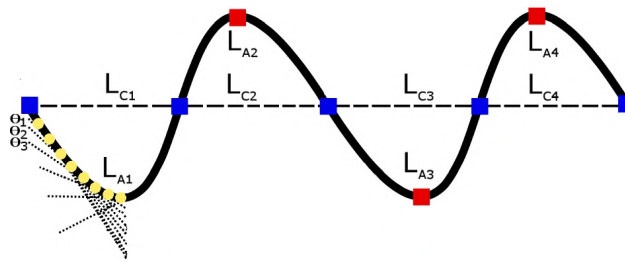


Figura 3.5: Ejemplo de fibra nerviosa reconstruida como polilínea, mostrando puntos críticos y tangentes locales para análisis geométrico [47].

Algunas herramientas de análisis morfométrico, como las implementadas en el software L-Measure, calculan la orientación de las ramas neuronales basándose en el vector definido por los dos puntos extremos de la rama, o analizando la distribución de los puntos a lo largo de su eje principal [48]. Estos métodos, aunque útiles para caracterizar la morfología general, pueden no ser siempre los más adecuados para un análisis direccional detallado si la fibra presenta una curvatura significativa. La robustez de estos métodos geométricos depende en gran medida de la calidad de la reconstrucción y de la complejidad intrínseca de la trayectoria de la fibra.

Métodos basados en análisis estadístico

Un enfoque más robusto y ampliamente utilizado para determinar la dirección principal de un conjunto de puntos que representan una estructura alargada, como en este caso una fibra nerviosa, es el PCA. Los fundamentos matemáticos de esta técnica estadística han sido detallados previamente en el apartado 2.3.1.

Como se explicó, el PCA analiza la dispersión de los puntos (x, y, z) que componen la fibra, obteniendo el vector que representa la dirección que captura la mayor variabilidad

3.3. Enfoques computacionales para la cuantificación direccional

de los puntos. Este vector se alinea con el eje de máxima varianza de esta nube de puntos, proporcionando así una estimación cuantitativa y objetiva de la dirección predominante de la fibra en el espacio tridimensional [49].

Diversos estudios en neuroanatomía y biología celular han empleado el PCA para caracterizar la orientación de distintas estructuras celulares, incluyendo estructuras neuronales como los axones y dendritas. Por ejemplo, Lindsay et al. (2017) lo utilizaron para ayudar a clasificar subtipos de interneuronas corticales basándose en los ejes principales de la morfología de sus axones y dendritas. La validación de su uso en múltiples estudios confirma su utilidad para extraer datos direccionales robustos. Dada esta capacidad, el PCA constituye una de las técnicas computacionales centrales implementadas en el presente TFG.

3.3.2. Caracterización direccional en conjuntos de fibras

Más allá del análisis direccional de fibras nerviosas individuales, resulta fundamental entender cómo se organizan estas estructuras en grandes conjuntos dentro de una región de interés. La caracterización direccional de un conjunto de fibras permite obtener una visión más global de la estructura del tejido al completo, identificando tendencias predominantes y evaluar el grado de dispersión de estas. Este análisis es crucial para lograr relacionar las microestructuras de la corteza con la arquitectura a gran escala del tejido cerebral.

Aplicación del Tensor de Estructura para la dirección promedio

Cuando se dispone de un conjunto de vectores que representan las direcciones de diferentes fibras individuales, el tensor de estructura es una herramienta matemática idónea para analizar la direccionalidad del conjunto [50]. Los fundamentos matemáticos de este tensor, y cómo se calculan sus autovectores y autovalores, han sido detallados en el apartado 2.3.2.

Este enfoque tensorial se ha aplicado en diversos campos para caracterizar la organización de elementos fibrosos, desde la ciencia de materiales hasta la biomecánica de tejidos biológicos [51]. En neurociencia, cuando se aplica a un conjunto de vectores individuales, es una forma de “promediar” las direcciones de manera robusta, teniendo en cuenta su distribución espacial.

Si bien el tensor de estructura, calculado de esta manera, proporciona una descripción concisa y útil de la tendencia direccional principal y la coherencia de un conjunto de fibras, es importante reconocer que resume la distribución a un único tensor. Por lo tanto, si el conjunto de fibras contiene subpoblaciones con orientaciones claramente distintas (por ejemplo, dos grupos de fibras que se cruzan perpendicularmente), el vector promedio resultante podría no representar adecuadamente ninguna de las subpoblaciones y las métricas de anisotropía podrían indicar una baja coherencia [20].

Otras representaciones de la Distribución de Orientaciones

Para caracterizar distribuciones de orientaciones complejas, como las que se encuentran en cruces de fibras, se recurre a las Funciones de Distribución de Orientación (ODF). Una ODF es una función definida sobre la superficie de una esfera que describe la probabilidad de encontrar una fibra en cada posible dirección del espacio [52].

La visualización de las ODFs se realiza comúnmente mediante “glifos”, que son representaciones tridimensionales cuya forma indica la distribución de orientaciones. Aunque ofrecen una descripción mucho más rica de la arquitectura fibrosa en regiones heterogéneas [52], su cálculo y la interpretación detallada pueden ser más complejos que el análisis tensorial simple. En consecuencia, las ODFs no serán empleadas en la metodología desarrollada en este TFG.

3.3.3. Software de visualización de datos neuroanatómicos

El análisis cuantitativo de la dirección de las fibras nerviosas y la visualización de los datos neuroanatómicos complejos se apoyan de manera fundamental en una amplia gama de herramientas software y librerías de programación. Estos recursos computacionales son esenciales para procesar las imágenes tridimensionales, implementar los algoritmos de análisis direccional y generar representaciones gráficas que faciliten la interpretación de los resultados.

En el ámbito comercial, existen plataformas de software consolidadas que ofrecen soluciones integrales para la reconstrucción de morfologías neuronales y el análisis de imágenes biomédicas. Entre ellas destacan NeuroLucida (MBF Bioscience) [53], ampliamente utilizada para el trazado detallado de neuronas y el análisis morfométrico (véase Figura 3.6) [54]; Amira (Thermo Fisher Scientific) [55] e Imaris (Bitplane, Oxford Instruments) [56], que proporcionan potentes capacidades de visualización 3D, segmentación y análisis de imágenes multimodales, incluyendo módulos específicos para el trazado de filamentos o neuritas.

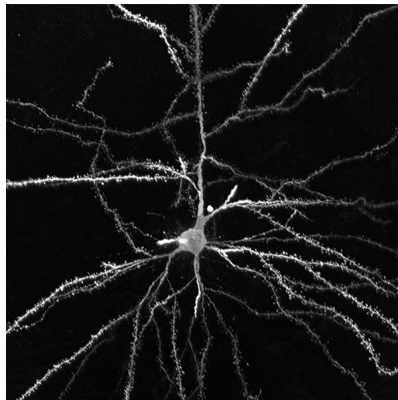


Figura 3.6: Reconstrucción tridimensional de dendritas neuronales con NeuroLucida [53].

Paralelamente, la comunidad científica se beneficia de un ecosistema creciente de software de código abierto y herramientas académicas. ImageJ, y su distribución Fiji (Fiji Is Just ImageJ), se ha convertido en una plataforma *de facto* para el procesamiento de imágenes en biología debido a su extensibilidad mediante *plugins* [57], [58]. Para el análisis de orientación, el plugin OrientationJ es particularmente relevante, ya que permite la generación de mapas de campo vectorial y distribuciones de orientaciones [59]. Herramientas como L-Measure [48] y NEMO [60] se centran en la cuantificación de una gran variedad de parámetros morfométricos a partir de reconstrucciones neuronales digitales.

Estas herramientas no solo facilitan la implementación de los métodos de análisis direccio-

nal, sino que también juegan un papel crucial en la automatización de los flujos de trabajo, la mejora de la reproducibilidad de los resultados y la capacidad de explorar interactivamente los complejos conjuntos de datos generados en la neurociencia moderna. La elección de una herramienta o un conjunto de ellas dependerá de los requisitos específicos del análisis, el tipo de datos de entrada, la escala del estudio y la necesidad de personalización del flujo de trabajo.

3.4. Conclusiones

La revisión de las metodologías actuales para el estudio cuantitativo de la dirección de las fibras nerviosas cerebrales ha mostrado una notable diversidad de enfoques. Se ha observado que, desde la resonancia magnética de difusión hasta la microscopía de alta resolución, cada técnica de adquisición de datos presenta un equilibrio particular entre la resolución espacial, el volumen de tejido que se puede analizar y su aplicabilidad para estudios *in vivo*. De forma similar, los métodos computacionales presentan un abanico de posibilidades: desde enfoques geométricos y el PCA para analizar fibras individuales, hasta el tensor de estructura y las ODF para caracterizar la direccionalidad en conjuntos de fibras, cada uno con un grado de complejidad y detalle diferente. Asimismo, existe un amplio repertorio de herramientas software que facilitan estos análisis, pero no siempre ofrecen una integración completa para flujos de trabajo específicos.

A pesar de la sofisticación de estas herramientas, el análisis ha identificado varias carencias y desafíos que persisten en el campo. Uno de los problemas más importantes sigue siendo la resolución adecuada y la cuantificación fiable de las fibras en regiones de alta complejidad (como los cruces), lo cual afecta directamente la precisión de las representaciones del tejido nervioso. Además, la cuantificación precisa de la dirección de fibras individuales a través de grandes volúmenes de tejido, combinando alta resolución con un análisis eficiente, continúa siendo un reto. Adicionalmente, la validación de estos métodos cuantitativos se ve obstaculizada por la falta de un “patrón de referencia” o *gold standard* universalmente aceptado [16].

Este panorama define una clara oportunidad para el desarrollo de herramientas especializadas que aborden una carencia específica: la falta de soluciones de software integradas, accesibles y enfocadas. Existe una necesidad concreta de una herramienta que cubra el flujo de trabajo completo: desde la carga de reconstrucciones 3D, pasando por la cuantificación direccional robusta de fibras individuales y de conjuntos, hasta la visualización interactiva de los resultados en un mismo entorno. Las soluciones actuales tienden a ser o demasiado genéricas, requiriendo una programación considerable, o demasiado específicas, centrándose solo en una etapa aislada del proceso.

Por lo tanto, el presente TFG se justifica por la necesidad de desarrollar una herramienta software que responda a esta carencia. Al proponer una solución que automatice el cálculo de la dirección de fibras y conjuntos a partir de formatos de archivo 3D estándar, e implemente visualizaciones 3D interactivas, este trabajo busca ofrecer un instrumento práctico y novedoso para la investigación en neurociencia. Dicha herramienta no solo facilitará un análisis más eficiente y objetivo de la organización direccional de la corteza cerebral, sino que también complementará los enfoques existentes, contribuyendo a una mejor comprensión de la arquitectura conectiva del cerebro.

Capítulo 4

Desarrollo

4.1. Análisis

4.1.1. Usuarios del sistema

La herramienta desarrollada para el estudio cuantitativo de la dirección de las fibras nerviosas está concebida principalmente para ser utilizada por investigadores en el campo de la neurociencia, la neuroanatomía y la biología computacional. Estos usuarios suelen trabajar con datos de microscopía electrónica y reconstrucciones tridimensionales de tejido cerebral.

El perfil de usuario incluye:

- **Neurocientíficos y neuroanatomistas:** Interesados en caracterizar la organización estructural del cerebro, estudiar la conectividad neuronal y comprender cómo las alteraciones en la orientación de las fibras pueden estar relacionadas con diversas condiciones neurológicas. Utilizarían el sistema para analizar sus propios conjuntos de datos de fibras reconstruidas (archivos `.wrl`), obtener métricas direccionales cuantitativas y visualizar los resultados.
- **Biólogos computacionales y bioinformáticos:** Encargados del desarrollo de herramientas y algoritmos para el análisis de datos biológicos. Podrían utilizar el sistema como una herramienta de análisis o como un módulo integrable en flujos de trabajo más amplios, aprovechando su capacidad de exportación de resultados en formatos estándar.
- **Estudiantes e investigadores en formación:** En el ámbito académico, la herramienta puede servir como un recurso educativo y de investigación para explorar interactivamente la relación entre la morfología 3D de las fibras y sus descriptores direccionales, facilitando la comprensión de conceptos de análisis neuroanatómico.

Se asume que los usuarios tendrán una comprensión básica de la neuroanatomía y de los principios del modelado 3D de fibras. No obstante, la interfaz desarrollada busca minimizar la curva de aprendizaje técnico, permitiendo a los usuarios concentrarse en la carga de sus datos y en la interpretación de los resultados visuales y numéricos.

4.1.2. Análisis de requisitos

Requisitos funcionales

Los Requisitos Funcionales (RF) describen lo que el sistema debe hacer y definen las acciones que los usuarios pueden llevar a cabo [61]. A continuación, se presentan los requisitos funcionales para cada una de las funcionalidades clave del sistema.

Gestión de datos de entrada y procesamiento inicial

- **RF 01.** El sistema deberá permitir al usuario la carga de uno o múltiples archivos en formato `.wrl`, los cuales contienen la representación espacial de las fibras nerviosas.
- **RF 02.** El sistema deberá analizar (parsear) los archivos `.wrl` para extraer las coordenadas tridimensionales de los puntos que definen la trayectoria de cada fibra.

Análisis direccional individual de fibras

- **RF 03.** Para cada fibra procesada, el sistema deberá calcular su vector de dirección principal.
- **RF 04.** Para cada fibra, el sistema deberá determinar los ángulos que su vector de dirección principal forma con los ejes cartesianos (X, Y, Z) .
- **RF 05.** Para cada fibra, el sistema deberá calcular sus coordenadas polares (r, θ) a partir de su vector director principal, representando la horizontalidad y el azimut.

Análisis direccional del conjunto de fibras

- **RF 06.** Cuando se analicen múltiples fibras, el sistema deberá calcular un vector de dirección promedio o predominante para el conjunto total de fibras.
- **RF 07.** El sistema deberá determinar los ángulos que el vector de dirección promedio del conjunto forma con los ejes cartesianos (X, Y, Z) .
- **RF 08.** El sistema deberá calcular las coordenadas polares (r, θ) , que representan la horizontalidad y azimut, para el vector de dirección promedio del conjunto.

Visualización de resultados

- **RF 09.** El sistema deberá generar una visualización tridimensional interactiva que muestre las trayectorias espaciales de las fibras cargadas.
- **RF 10.** La visualización 3D deberá permitir al usuario mostrar u ocultar opcionalmente los vectores de dirección principal de cada fibra individual.
- **RF 11.** La visualización 3D deberá permitir al usuario mostrar u ocultar opcionalmente el vector de dirección promedio del conjunto de fibras.
- **RF 12.** El sistema deberá generar una representación gráfica en una esfera unitaria para visualizar la orientación del vector de dirección promedio.
- **RF 13.** El sistema deberá generar un mapa polar que muestre la distribución de las direcciones de las fibras individuales, así como la dirección promedio del conjunto.

Presentación de resultados e interfaz de usuario

- **RF 14.** El sistema deberá mostrar en la interfaz los valores numéricos del vector de dirección promedio (componentes X, Y, Z), sus ángulos con los ejes cartesianos y sus coordenadas polares.
- **RF 15.** El sistema deberá contar con una interfaz gráfica web que permita al usuario interactuar con todas sus funcionalidades, incluyendo la carga de archivos, la visualización de resultados y la exportación de datos.
- **RF 16.** La interfaz deberá mostrar una leyenda interactiva de los archivos cargados y procesados, permitiendo controlar la visibilidad de las fibras en las visualizaciones.

Exportación de resultados

- **RF 17.** El sistema deberá ofrecer la funcionalidad de exportar los resultados del análisis cuantitativo (datos de fibras individuales y resumen del conjunto) en formatos estándar como CSV y JSON.

Requisitos no funcionales

Los Requisitos No Funcionales (RNF) describen las características y restricciones de un sistema, y se ocupan de aspectos como la escalabilidad, el rendimiento, la portabilidad, la seguridad y la confiabilidad, entre otros [62]. A continuación, se presentan los RNF para cada una de las funcionalidades clave del sistema.

Usabilidad

- **RNF 01.** La interfaz de usuario deberá ser intuitiva, clara y fácil de utilizar, permitiendo a los investigadores con distintos niveles de experiencia técnica operar el sistema eficientemente.
- **RNF 02.** Las representaciones gráficas 3D deberán ser interactivas, permitiendo al usuario manipular la vista (rotar, hacer zoom, desplazar) para una mejor exploración de los datos.
- **RNF 03.** El sistema deberá proporcionar mensajes informativos al usuario sobre el estado del procesamiento, incluyendo confirmaciones de carga, progreso y eventuales errores.

Rendimiento

- **RNF 04.** El sistema deberá ser capaz de gestionar la carga y el análisis de un volumen considerable de datos en tiempos de respuesta razonables.
- **RNF 05.** Los algoritmos matemáticos implementados para el cálculo de direcciones y ángulos deberán ser precisos y basarse en métodos numéricamente estables.

Compatibilidad y mantenibilidad

- **RNF 06.** La aplicación web deberá ser compatible con las versiones recientes de los navegadores web más utilizados.
- **RNF 07.** El código fuente del sistema deberá estar organizado de forma modular para facilitar su comprensión, mantenimiento y futuras extensiones.

4.2. Tecnologías utilizadas

4.2.1. Python y entorno de desarrollo

Para la implementación de la herramienta de análisis cuantitativo de la dirección de fibras nerviosas, se ha seleccionado **Python** como lenguaje de programación principal. Python, lanzado por primera vez en 1991 por Guido van Rossum, es un lenguaje de alto nivel, interpretado y multipropósito que se ha ganado la preferencia de muchos desarrolladores debido a su filosofía de diseño, que enfatiza la legibilidad del código a través de una sintaxis clara y concisa. Su popularidad se refleja en su liderazgo en el índice The Importance of Being Earnest (TIOBE) desde octubre de 2021 [63] (véase Figura 4.1).

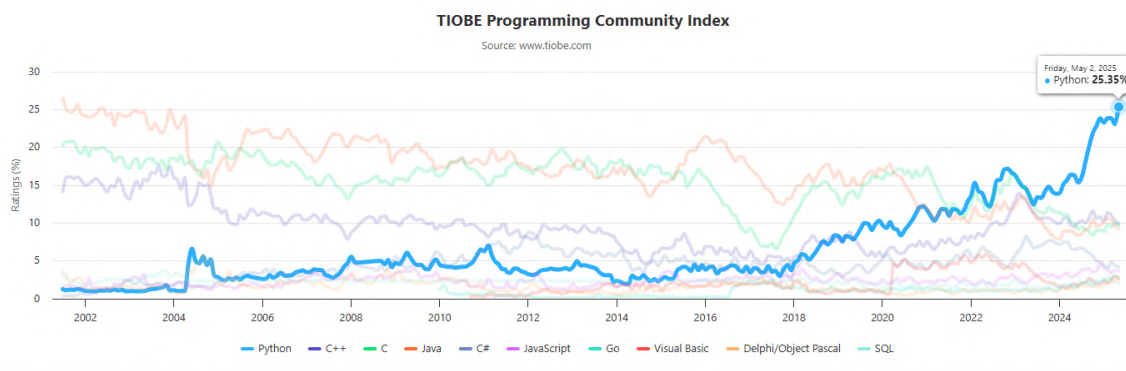


Figura 4.1: Índice de la Comunidad de Programación TIOBE.

Python es un lenguaje conocido por su versatilidad, que según Martelli et al. (2023), “A design goal of the language is, and has long been, *to play well with others*.” [Un objetivo de diseño del lenguaje ha sido, y sigue siendo, ‘llevarse bien con los demás’] [64]. Este proyecto se beneficia directamente de su extenso ecosistema de herramientas especializadas, que han sido fundamentales para su construcción y serán detalladas en el apartado 4.2.2.

Para el proyecto, se empleará la versión 3.13.2 de Python.

Entorno de desarrollo

La base del entorno se estableció con **Anaconda**, una distribución de Python ampliamente utilizada en la comunidad científica. Su gestor de paquetes, **Conda**, se ha utilizado para crear un entorno virtual aislado. Se trata de un espacio autocontenido que alberga todas las librerías del proyecto en sus versiones exactas. Esta práctica no solo previene conflictos con otras instalaciones de Python en el sistema, sino que es fundamental para garantizar la reproducibilidad científica: cualquier investigador puede replicar el entorno de manera idéntica a partir de un archivo de configuración, asegurando que el software se comporte siempre de la misma forma.

En cuanto al editor de código, se empleó **Visual Studio Code**, aprovechando su robusto soporte para Python, su depurador integrado y sus herramientas de control de versiones con Git para optimizar y agilizar el ciclo de desarrollo.

4.2.2. Librerías

Para la implementación de las diferentes funcionalidades del sistema, se ha recurrido a un conjunto de librerías de Python especializadas. Son de código abierto y se pueden obtener e instalar fácilmente a través de gestores de paquetes estándar como `pip` (desde Python Package Index (PyPI)) o `conda`. Cada una aporta capacidades específicas que simplifican y potencian el desarrollo.

NumPy

Numerical Python (NumPy) es la librería fundamental para la computación científica en Python, proporcionando soporte para arrays multidimensionales y una vasta colección de funciones matemáticas para operar sobre ellos [65].

Su adecuación para este TFG se manifiesta en el manejo eficiente de las coordenadas 3D de las fibras, que se representan y manipulan como arrays de NumPy. Además, sus operaciones algebraicas optimizadas son esenciales para los cálculos de PCA y el tensor de estructura (como matrices de covarianza y autovectores), lo que asegura un buen rendimiento. Finalmente, dado que muchas librerías científicas y de visualización en Python dependen de NumPy, su uso garantiza una sólida interoperabilidad. NumPy es, por tanto, la base para el procesamiento numérico y los algoritmos de análisis direccional de la herramienta.

Para el proyecto, se empleará la versión 2.2.3 del paquete `numpy`.

Scikit-learn

Scikit-learn es una librería ampliamente reconocida que ofrece un conjunto extenso de herramientas eficientes para el aprendizaje automático y la minería de datos [66]. Aunque su enfoque principal es el aprendizaje automático, scikit-learn incluye módulos para tareas de preprocesamiento de datos y reducción de dimensionalidad, entre los que destaca su implementación del PCA.

Para este TFG, la implementación de PCA disponible en esta librería (a través del módulo `sklearn.decomposition.PCA`) es particularmente adecuada. Permite calcular de manera sencilla y eficiente los componentes principales de los conjuntos de coordenadas 3D que representan cada fibra nerviosa. Esta funcionalidad es crucial para determinar la dirección principal de cada fibra, uno de los objetivos centrales del análisis cuantitativo desarrollado.

El uso de la implementación de scikit-learn abstrae la complejidad matemática subyacente, lo que permite centrarse en la aplicación del método al problema neuroanatómico y asegura que los resultados se basan en un algoritmo probado y optimizado. Por tanto, tanto la robustez y la optimización de sus algoritmos, como su buena integración con NumPy, la convierten en una elección idónea para esta tarea.

Para el proyecto, se empleará la versión 1.6.1 del paquete `scikit-learn`.

Plotly

Plotly es una librería de graficación que permite crear visualizaciones interactivas y de calidad publicable [67]. Una de sus principales fortalezas es su capacidad para generar gráficos

3D complejos, como diagramas de dispersión 3D, superficies y representaciones de vectores, que pueden ser explorados por el usuario (zoom, rotación, panorámica) directamente en un navegador web.

La elección de Plotly para este TFG se justifica por su idoneidad para representar los datos espaciales y direccionales de las fibras nerviosas. Específicamente, se utiliza para visualizar las reconstrucciones tridimensionales de las fibras nerviosas, representar los vectores directores calculados para cada fibra individual mediante PCA, y mostrar el vector de dirección promedio del conjunto de fibras. Además, permite generar gráficos complementarios, como la esfera de direcciones y el mapa polar, que ayudan a interpretar la distribución de las orientaciones.

La interactividad nativa que ofrece esta librería es, por tanto, un pilar del proyecto, pues transforma los resultados numéricos en una representación visual e intuitiva, permitiendo una comprensión más intuitiva de la organización direccional de las fibras.

Para el proyecto, se empleará la versión 6.0.1 del paquete `plotly`.

Dash

Dash es un framework construido sobre Flask, Plotly.js y React.js, que permite desarrollar aplicaciones web analíticas con interfaces de usuario personalizadas, sin necesidad de escribir JavaScript, HTML o CSS de forma extensiva [68].

Su elección ha permitido construir la interfaz gráfica completa de la herramienta de manera eficiente. La fortaleza de Dash reside en su **arquitectura reactiva**, basada en funciones *callback*. Este mecanismo permite definir de forma declarativa las interacciones del usuario: una acción en un componente de la interfaz (como subir un archivo o pulsar un botón) dispara la ejecución de una función, cuyo resultado actualiza automáticamente otros componentes, como los gráficos o los paneles de resultados.

Gracias a esta arquitectura y a su integración nativa con Plotly, se ha podido construir una aplicación cohesiva donde los gráficos de fibras se combinan con el resto de componentes del sistema.

Para el proyecto, se empleará la versión 3.0.4 del paquete `dash`.

4.3. Diseño y metodología

4.3.1. Visión general de la solución propuesta

El sistema desarrollado en este TFG proporciona un flujo de trabajo completo que abarca desde la carga de los datos de entrada hasta la presentación interactiva de los resultados y su exportación. El objetivo principal es ofrecer un sistema automatizado para la cuantificación direccional de fibras nerviosas individuales y de conjuntos de fibras, a partir de archivos en formato `.wrl` que contienen sus trayectorias reconstruidas.

El flujo de trabajo general de la aplicación se puede describir en las siguientes etapas:

1. **Carga y parseo de datos:** El usuario selecciona uno o varios archivos `.wrl`. La aplicación procesa estos archivos para extraer las coordenadas 3D de cada fibra.

2. **Análisis direccional:** Se aplican algoritmos cuantitativos a las coordenadas, incluyendo el cálculo de la dirección principal para cada fibra (PCA) y la determinación de una dirección promedio para el conjunto (tensor de estructura). También se calculan parámetros numéricos como ángulos y coordenadas polares de las direcciones.
3. **Visualización interactiva:** Los resultados se presentan gráficamente en una interfaz web, incluyendo vistas 3D de fibras y vectores, una esfera de direcciones y un gráfico polar.
4. **Exportación de resultados:** Se permite al usuario exportar los datos numéricos del análisis.

Para la implementación de este sistema, la solución se ha estructurado en varios módulos lógicos interconectados. Cada uno con responsabilidades definidas. Esta arquitectura modular, que se detallará en la sección 4.3.2, busca organizar el sistema de manera que el módulo de parseo de archivos proporcione los datos al módulo de análisis, cuyos resultados numéricos serán luego utilizados por el módulo de visualización para crear los gráficos. Finalmente, el módulo principal de la aplicación web coordinará estas interacciones y presentará la información al usuario (véase Figura 4.2).

4.3.2. Metodología

Para abordar el problema de la cuantificación de la dirección de las fibras nerviosas, se ha diseñado una estrategia metodológica que descompone el problema general en fases lógicas y consecutivas. Este enfoque modular permite un tratamiento sistemático que abarca desde la adquisición y el procesamiento inicial de los datos hasta el análisis cuantitativo y la interpretación visual de los resultados. El flujo de trabajo está concebido para guiar al investigador a través de un proceso que garantice la objetividad y la reproducibilidad del análisis direccional. A continuación, se detalla la metodología específica implementada en cada uno de los módulos que conforman la solución propuesta.

Módulo de parseo de archivos `.wrl`

El punto de partida del análisis son las reconstrucciones tridimensionales de las fibras nerviosas, almacenadas en archivos con formato `.wrl`. La primera etapa metodológica se enfoca en la interpretación de estos archivos para extraer la información geométrica esencial que define cada fibra.

La estrategia implementada consiste en el desarrollo de un analizador sintáctico (*parser*) específico, capaz de procesar la estructura de estos archivos. Este *parser* está diseñado para localizar y decodificar los nodos `IndexedLineSet`, que encapsulan la definición de la trayectoria de las fibras a través de puntos de coordenadas tridimensionales que representan los puntos que las conforman. El procedimiento metodológico detallado es el siguiente:

1. **Identificación y extracción de coordenadas:** Se realiza un rastreo exhaustivo dentro de cada nodo `IndexedLineSet` para localizar el nodo `Coordinate` anidado. De este último, se extrae el conjunto completo de puntos tridimensionales (vértices) que constituyen la representación geométrica de la fibra.
2. **Interpretación de índices y reconstrucción de segmentos:** Se procesa el campo `coordIndex`, también contenido en el nodo `IndexedLineSet`. Este campo especi-

fica la secuencia en la que los vértices previamente extraídos deben conectarse para formar las polilíneas que representan la trayectoria de la fibra.

3. **Generación de una estructura de datos intermedia:** La información geométrica extraída (conjuntos de puntos y la conectividad entre ellos) se organiza en una estructura de datos interna. En esta estructura, cada fibra se representa como una colección de segmentos de línea discretos, donde cada segmento está definido por sus dos puntos extremos en el espacio (x, y, z) . Esta representación estructurada y depurada de los datos sirve como entrada para el siguiente módulo de análisis direccional.

Módulo de análisis direccional

Una vez que la información geométrica de las fibras ha sido extraída y estructurada, la siguiente fase metodológica se centra en la determinación cuantitativa de su orientación espacial. Esta fase distingue entre el cálculo de la dirección para cada fibra de manera individual y la estimación de una dirección promedio representativa para el conjunto completo de fibras analizadas.

- **Determinación de la dirección de fibras individuales:** Para cada fibra, el objetivo es obtener un único vector que describa su dirección principal. La estrategia metodológica adoptada para este fin es el PCA. Al aplicar PCA al conjunto de puntos que conforman una fibra, el primer componente principal resultante corresponde al eje a lo largo del cual la varianza de los datos es máxima. Este eje se interpreta como la dirección fundamental de la fibra. El vector director obtenido mediante este proceso se normaliza para estandarizar su magnitud y facilitar comparaciones y cálculos posteriores.
- **Estimación de la dirección promedio del conjunto:** Para caracterizar la orientación general de un conjunto de fibras, un simple promedio aritmético de los vectores directores individuales podría resultar engañoso. Esto se debe a la ambigüedad inherente al signo de los vectores (un vector y su opuesto describen la misma línea de acción), lo que podría llevar a cancelaciones incorrectas si los vectores no están orientados de manera coherente. Para superar esta limitación, la metodología implementada se basa en el concepto del tensor de estructura. Para cada vector director individual, se calcula su producto exterior, generando una matriz de segundo orden (tensor). Estos tensores individuales se promedian para todo el conjunto de fibras. Finalmente, se calcula el autovector principal (correspondiente al autovector más grande) de la matriz promedio resultante. Este autovector proporciona una estimación robusta y coherente de la dirección promedio del conjunto de fibras.

Módulo de visualización

La correcta interpretación de los resultados del análisis direccional depende crucialmente de una visualización efectiva e intuitiva. Por ello, la metodología incluye el desarrollo de una interfaz gráfica interactiva que permita al investigador explorar visualmente tanto los datos de entrada como los resultados cuantitativos obtenidos. La estrategia de visualización se fundamenta en la generación coordinada de tres representaciones gráficas principales, implementadas mediante el uso de las librerías mencionadas en el apartado 4.2.2.

1. **Visualización espacial tridimensional de fibras y vectores:** Constituye la vista principal de la herramienta. En este panel se renderizan las reconstrucciones tridimensionales originales de las fibras nerviosas. Sobre estas representaciones geométricas, se podrán superponer gráficamente los vectores directores calculados, tanto los correspondientes a cada fibra individual como el vector promedio del conjunto. Esta superposición facilita una validación visual directa de la precisión y coherencia de los cálculos direccionales.
2. **Esfera de direcciones para el vector promedio:** Con el fin de ofrecer una representación clara e inequívoca de la orientación del vector promedio global en el espacio tridimensional, se utiliza una esfera unitaria. El vector director promedio se dibuja como una flecha que se origina en el centro de esta esfera, indicando su dirección e inclinación.
3. **Mapa polar de distribución direccional:** Para analizar la distribución de las orientaciones de todas las fibras individuales y su relación con la dirección promedio, se emplea un mapa polar. En este gráfico, cada vector director se proyecta, representando su componente azimutal (ángulo en el plano XY) y su inclinación (ángulo con respecto al eje Z). Esta representación permite identificar visualmente agrupaciones, anisotropías y tendencias generales en la orientación de las fibras.

Con el objetivo de maximizar la utilidad y la experiencia del usuario, se aspira a que esta interfaz web no solo sea funcional, sino también estéticamente agradable y altamente intuitiva. Se buscará un diseño claro, con una navegación sencilla y una presentación de resultados que facilite la comprensión rápida y profunda de los datos.

Análisis estadístico

Para complementar la exploración visual y proporcionar una caracterización cuantitativa detallada, la metodología incorpora el cálculo de un conjunto de métricas estadísticas descriptivas asociadas a las propiedades direccionales de las fibras. La estrategia se enfoca en derivar los siguientes parámetros para cada vector director (tanto individual como promedio):

- **Ángulos con ejes cartesianos:** Se determinan los ángulos que forma cada vector director con los ejes positivos del sistema de coordenadas cartesianas (X, Y, Z) . Estos ángulos proporcionan una descripción directa de la orientación del vector respecto a un marco de referencia estándar.
- **Conversión a coordenadas polares:** Los vectores directores tridimensionales se transforman a un sistema de coordenadas polares, usualmente expresado en términos de un radio (en este contexto, relacionado con la proyección sobre un plano) y ángulos de azimut e inclinación (o elevación). Esta representación es particularmente útil para interpretar la distribución de las orientaciones en términos de horizontalidad y dirección angular en un plano de referencia.

Finalmente, con el propósito de asegurar la utilidad de los resultados para análisis posteriores, su integración en otros flujos de trabajo o su inclusión en publicaciones, la metodología contempla una funcionalidad esencial de **exportación de datos**. Todos los resultados numéricos generados durante el análisis, incluyendo los componentes de los vectores directores, los ángulos cartesianos calculados y las coordenadas polares derivadas para cada fibra

individual y para el vector promedio del conjunto, pueden ser exportados por el usuario. Los formatos de exportación soportados son CSV y JSON, por ser estándares ampliamente utilizados y compatibles con una gran variedad de herramientas de software y lenguajes de programación.

4.4. Implementación

El punto de partida para el desarrollo de este proyecto ha sido un conjunto de datos tridimensionales de fibras nerviosas, cedido para este fin. Los archivos, en formato `.wrl`, fueron proporcionados por los investigadores Dr. Ángel Merchán Pérez y Dra. Marta Turégano López del Centro de Tecnología Biomédica (CTB) de la Universidad Politécnica de Madrid (UPM). Estas reconstrucciones 3D se generaron a partir de muestras de tejido de la corteza cerebral y fueron exportadas utilizando el software ESPINA [40]. Se agradece enormemente su colaboración, ya que la disponibilidad de estos datos ha sido esencial para la implementación y validación de la herramienta aquí presentada.

Todos los módulos implementados se basan en las decisiones de diseño especificadas en la sección 4.3 de este documento.

4.4.1. Procesamiento de datos de entrada

Como se detalló en el apartado 3.2.2, la herramienta parte de archivos en formato `.wrl` que contienen los esqueletos tridimensionales de las fibras nerviosas. La correcta extracción de las coordenadas de estas fibras es el pilar fundamental sobre el que se construye todo el análisis posterior. La implementación de este módulo de parseo requirió una comprensión detallada de la estructura interna de los archivos `.wrl` y un diseño cuidadoso para manejar la información relevante de manera eficiente y robusta.

El primer paso fue, por tanto, una fase de exploración y análisis de la estructura de los archivos `.wrl` proporcionados como datos de ejemplo. Se inspeccionó manualmente el contenido de varios archivos para identificar los patrones y nodos clave que definen las geometrías de las líneas que componen la fibra. Esta inspección reveló que las fibras nerviosas se representan típicamente dentro de nodos `Shape`. Cada `Shape` contiene un campo `geometry` que, en el caso de las fibras, suele ser un nodo `IndexedLineSet`. Este nodo es crucial, ya que especifica cómo se conectan los puntos para formar los segmentos de la polilínea que forma la fibra.

Dentro del `IndexedLineSet`, dos campos resultaron ser de vital importancia:

- El campo `coord`, que apunta a un nodo `Coordinate`. Este nodo `Coordinate` contiene a su vez un campo `point` que es una lista de todas las coordenadas 3D (x, y, z) disponibles en esa sección del archivo. Por ejemplo, un fragmento de esta sección podría verse así:

Capítulo 4. Desarrollo

Esta expresión es lo suficientemente flexible como para permitir una parte opcional `DEF NodeName` antes de la palabra clave `Coordinate`. Si este patrón principal no logra una coincidencia, se utiliza la siguiente expresión de respaldo más simple:

```
Coordinate\s*{\s*point\s*\[[^\]]*\)\}
```

Ambas expresiones están diseñadas para capturar todo el conjunto de números de coordenadas que se encuentran entre los corchetes `[y]` del campo `point`. Una vez capturado este bloque de texto, se procesa para extraer las tuplas individuales de coordenadas (x, y, z) . De forma similar, para la identificación y posterior procesamiento del campo `coordIndex` y la extracción de los índices individuales (incluyendo el separador `-1`), se combinan búsquedas de la cadena `"coordIndex [...]"` con un análisis secuencial del contenido numérico subsiguiente.

Tras la extracción del contenido de la sección `point`, se itera sobre las cadenas de texto que definen las coordenadas. Cada terna numérica se transforma a su representación de punto flotante y se almacena como una tupla (x, y, z) en una lista. Esta lista consolida todos los puntos definidos dentro del nodo `Coordinate`.

El análisis del campo `coordIndex` implica iterar sobre sus valores para ensamblar los segmentos de fibra. Se mantiene una lista temporal para el segmento en curso, a la cual se añaden las coordenadas correspondientes a cada índice leído. Un índice con valor `-1` indica la finalización del segmento actual, que se transfiere a la lista global de segmentos, y se vacía la lista temporal. Los segmentos que alcanzan el final de `coordIndex` sin este delimitador también se consideran completos y se almacenan.

Un desafío inicial fue el manejo de archivos `.wrl` que pudieran contener múltiples nodos `Shape` con `IndexedLineSet` diferentes, cada uno con su propio conjunto de `Coordinate` y `coordIndex`. La implementación se diseñó para iterar sobre todo el archivo y procesar cada bloque `Shape >geometry IndexedLineSet >coord Coordinate / coordIndex` que encuentre, acumulando todas las fibras en una única estructura de datos de salida. Inicialmente, se consideró una aproximación más simple que solo buscaba el primer bloque, pero esto resultó ser una limitación, ya que algunos archivos de ejemplo contenían múltiples definiciones de geometrías de líneas. La solución consistió en refinar el bucle principal de parseo para que no termine tras el primer hallazgo, sino que continúe escaneando el archivo, manteniendo un estado que pudiera indicar si se estaba dentro de un bloque `Coordinate` o `coordIndex` para procesar correctamente las líneas de datos.

La función principal de este módulo, denominada `parse_wrl_fibers(file_path)`, toma la ruta del archivo `.wrl` como entrada. Internamente, gestiona la apertura, lectura y el procesamiento descrito. El resultado de esta función es una lista de listas. Cada sublista representa un segmento del conjunto que forma una fibra nerviosa individual. A su vez, cada una de estas sublistas contiene las coordenadas 3D de los puntos que lo componen, almacenadas como tuplas o listas de tres números flotantes. Esta lista representa los segmentos existentes en la polilínea que conforma la fibra. Por ejemplo, la estructura de datos de salida podría tener la siguiente forma:

```
all_final_segments = [
  [ (x1_f1, y1_f1, z1_f1), (x2_f1, y2_f1, z2_f1) ], # Segmento 1
  [ (x1_f2, y1_f2, z1_f2), (x2_f2, y2_f2, z2_f2) ], # Segmento 2
  ... ]
```

Esta estructura de datos es la que se pasa luego al módulo de análisis para los cálculos direccionales.

4.4.2. Desarrollo del módulo de análisis cuantitativo

Una vez que las coordenadas de las fibras nerviosas se han extraído y estructurado correctamente por el módulo de parseo (descrito en el apartado 4.4.1), el siguiente paso es la aplicación de los métodos cuantitativos para determinar su dirección. Este análisis, implementado en el módulo `analysis.py`, es responsable de dos tareas principales: calcular la dirección principal para cada fibra individual y determinar una dirección promedio para el conjunto total de fibras.

Cálculo de la dirección de fibras individuales

La determinación de la orientación de cada fibra nerviosa se realiza mediante el PCA. Esta tarea se encapsula en la función `calculate_3d_line_properties(segments)` del módulo `analysis.py`. Dicha función recibe como entrada la lista `segments` (lista que contiene los segmentos, y por tanto los puntos, que componen la fibra completa). El proceso es el siguiente:

1. Se agrupan todos los puntos de los segmentos de la fibra en un único conjunto de puntos.
2. Los puntos de la fibra se convierten a un array NumPy.
3. Se calcula el punto medio (`mean_point`) de la fibra y se centran los puntos restando este punto medio.
4. Se instancia un objeto PCA (`n_components=1`) de la librería `Scikit-learn`. Se elige un solo componente ya que se busca la dirección principal de la fibra, que viene dada por el primer componente del PCA.
5. Se ajusta el modelo PCA a los puntos centrados de la fibra a través de la función `pca.fit(centered_points)`.
6. El primer componente principal (`pca.components_[0]`), que representa la dirección de máxima varianza, se toma como el vector director de la fibra.
7. El vector director se normaliza para asegurar que tenga una longitud unitaria, dividiéndolo por su norma.

La función devuelve un diccionario que contiene el punto medio, el vector director normalizado y todos los puntos de la fibra, o `None` si el cálculo falla. El vector director normalizado de cada fibra se almacena para su posterior visualización y análisis.

Cálculo de la dirección promedio del conjunto de fibras

La determinación de una dirección promedio representativa para todo el conjunto de fibras analizadas presentó varios desafíos durante su desarrollo.

Una aproximación inicial implementada para calcular esta dirección promedio se basaba en un método de alineación secuencial. Primero, se calculaban los vectores directores individuales de todas las fibras mediante PCA. Luego, se seleccionaba el vector director de

la primera fibra procesada como un “vector de referencia”. A continuación, se iteraba sobre los demás vectores directores: si el producto escalar entre un vector y el de referencia era negativo (indicando una orientación general opuesta), el vector se invertía multiplicándolo por -1 . La intención era forzar un mismo sentido en todos los vectores del conjunto. Finalmente, se calculaba el promedio aritmético de las componentes x, y, z de estos vectores (ahora teóricamente alineados) para obtener la dirección promedio del conjunto.

Sin embargo, las pruebas revelaron que este enfoque tenía limitaciones significativas. La dirección promedio resultante era altamente sensible al orden en que se procesaban las fibras, ya que la elección del primer vector como referencia condicionaba la alineación de todos los demás. Si la primera fibra tenía una orientación atípica, el promedio global podía verse considerablemente sesgado. Además, la mera inversión basada en el producto escalar con un único referente no resolvía completamente la ambigüedad inherente al signo de los vectores directores. Un vector \vec{v} y su opuesto $-\vec{v}$ representan la misma línea de orientación espacial, pero su contribución a un promedio aritmético es opuesta, pudiendo llevar a cancelaciones no deseadas y a un vector promedio poco representativo o con una magnitud muy reducida, incluso si existía una tendencia direccional clara en el conjunto.

Para superar esta limitación y obtener una medida más robusta, estable e independiente del orden, se implementó un método basado en el tensor de estructura, encapsulado en la función `calculate_overall_direction(direction_vectors)` dentro de `analysis.py`. Este método, como se conceptualizó en el apartado 2.3.2, opera de la siguiente manera:

1. Para cada vector director normalizado $\mathbf{v}_i = [v_{ix}, v_{iy}, v_{iz}]$ de una fibra individual i (obtenido por PCA), se calcula su producto exterior. Esto resulta en una matriz simétrica de 3×3 , $T_i = \mathbf{v}_i \mathbf{v}_i^T$:

$$T_i = \begin{pmatrix} v_{ix}^2 & v_{ix}v_{iy} & v_{ix}v_{iz} \\ v_{iy}v_{ix} & v_{iy}^2 & v_{iy}v_{iz} \\ v_{iz}v_{ix} & v_{iz}v_{iy} & v_{iz}^2 \end{pmatrix}$$

Una propiedad fundamental es que T_i es idéntico para \mathbf{v}_i y para $-\mathbf{v}_i$, eliminando así la ambigüedad del signo.

2. Se suman todos estos tensores individuales y se promedian para obtener el tensor de estructura promedio del conjunto, $T_{avg} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N T_i$, donde N es el número total de fibras. Este cálculo es inherentemente independiente del orden de los vectores.
3. Finalmente, se calculan los autovectores y autovalores de T_{avg} . El autovector asociado al autovalor más grande de T_{avg} se toma como la dirección promedio del conjunto de fibras. Para asegurar un sentido consistente del vector resultante (por ejemplo, que apunte predominantemente hacia el hemisferio positivo de algún eje o que sea coherente con la media simple de los vectores de entrada), la función `calculate_overall_direction` incluye una lógica para, si es necesario, invertir el signo del autovector principal basándose en su producto escalar con la media simple de los vectores directores individuales.

Este enfoque basado en el tensor de estructura demostró ser significativamente más estable y proporcionar una representación más correcta de la tendencia direccional principal del conjunto de fibras, resolviendo los problemas de la dependencia del orden y la ambigüedad del signo.

Cálculos adicionales

Además de los vectores directores, el módulo `analysis.py` también implementa la función `calculate_vector_angles(direction_vector)` para calcular los ángulos que describen la orientación de estos vectores en el espacio. Para cada vector director $\mathbf{v} = [v_x, v_y, v_z]$ (tanto individual como el promedio del conjunto), se calculan:

- **El ángulo azimutal (ϕ):** Es el ángulo en el plano XY, generalmente medido desde el eje X positivo. Se calcula como $\phi = \text{atan2}(v_y, v_x)$. El uso de `atan2` asegura que el ángulo se encuentre en el rango correcto $(-\pi, \pi]$ o $[0, 2\pi)$ dependiendo de la convención.
- **El ángulo de inclinación (θ):** Es el ángulo con respecto al eje Z positivo. Se calcula como $\theta = \cos^{-1}\left(\frac{v_z}{\|\mathbf{v}\|}\right)$, donde $\|\mathbf{v}\|$ es la magnitud del vector (que es 1 si el vector está normalizado). El rango de θ es $[0, \pi]$

La función `calculate_vector_angles` devuelve estos ángulos en grados.

4.4.3. Desarrollo del módulo de visualización

La visualización efectiva de los datos y resultados es un componente esencial del sistema, ya que permite al usuario explorar interactivamente las reconstrucciones de las fibras, sus direcciones calculadas y las tendencias generales del conjunto. El módulo `visualization.py` es el responsable de generar estas representaciones gráficas utilizando la librería `Plotly`. La función principal de este módulo es `plot_fibers_for_layout(fiber_data_list)`, que recibe la lista de datos procesados de las fibras (provenientes del módulo de análisis) y devuelve un diccionario con las tres figuras principales que se mostrarán en la interfaz de usuario.

Visualización espacial 3D de fibras y vectores

Este es el gráfico principal y más complejo. Su objetivo es mostrar las fibras nerviosas en su contexto espacial tridimensional, junto con representaciones opcionales de sus vectores directores individuales y el vector de dirección promedio del conjunto.

- **Representación de las fibras:** Cada fibra se dibuja como una serie de segmentos de línea conectados, utilizando la lista de segmentos calculada por el módulo de parseo. Para distinguir visualmente las diferentes fibras cargadas (provenientes de distintos archivos o definidas como entidades separadas dentro de un mismo archivo), se asigna un color único a cada fibra de una paleta predefinida de `Plotly` (`plotly.colors.qualitative.Plotly`). La función `adjust_color_brightness` se utiliza para crear variaciones de estos colores base, por ejemplo, para los vectores (véase Figura 4.3).

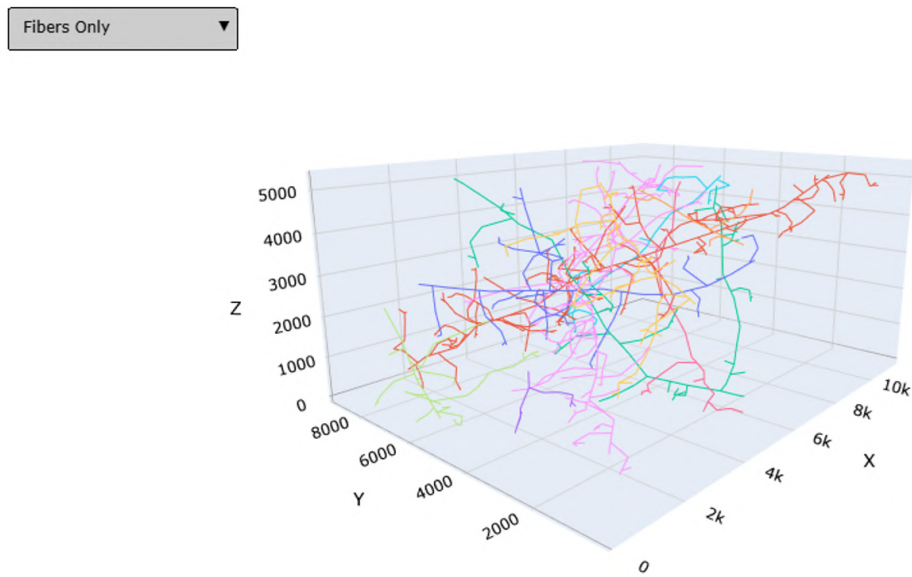


Figura 4.3: Representación tridimensional de las trayectorias de fibras nerviosas individuales.

- **Vectores directores individuales:** Para cada fibra, su vector director se representa como una función lineal que parte del punto medio de la fibra y se extiende en la dirección del vector. La longitud de este vector visualizado se escala en función del rango espacial de la propia fibra para asegurar una visualización proporcional y evitar que los vectores sean demasiado pequeños o grandes en relación con la fibra que representan. Estos vectores directores individuales están inicialmente ocultos y pueden ser mostrados por el usuario a través de la interfaz (véase Figura 4.4).

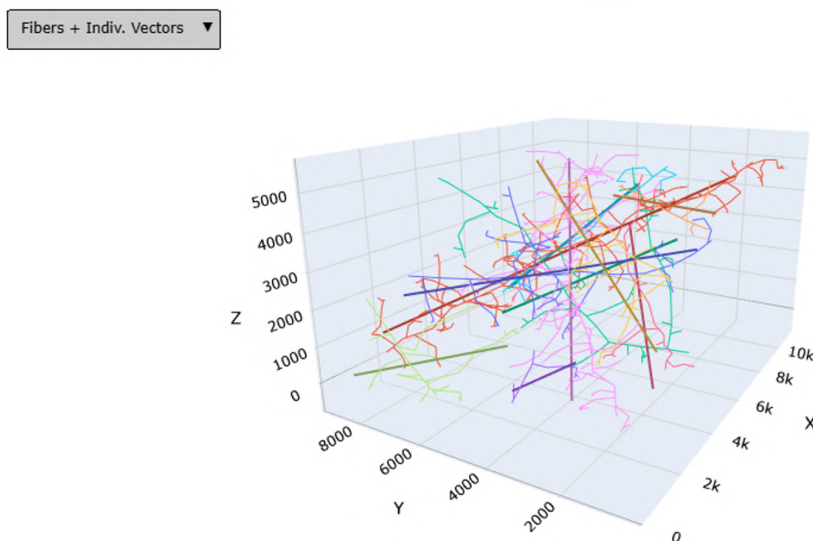


Figura 4.4: Representación tridimensional de las trayectorias de fibras nerviosas individuales y sus vectores direccionales.

- Dirección promedio del conjunto:** El vector de dirección promedio del conjunto de fibras también se representa como una línea 3D. Este vector se origina en el punto medio de todas las fibras combinadas y se escala en función del rango espacial global de todas las fibras. Se dibuja con un color distintivo (negro, con mayor grosor) para diferenciarlo de los vectores individuales. Al igual que con los vectores individuales, su visibilidad es controlada por el usuario (véase Figura 4.5).

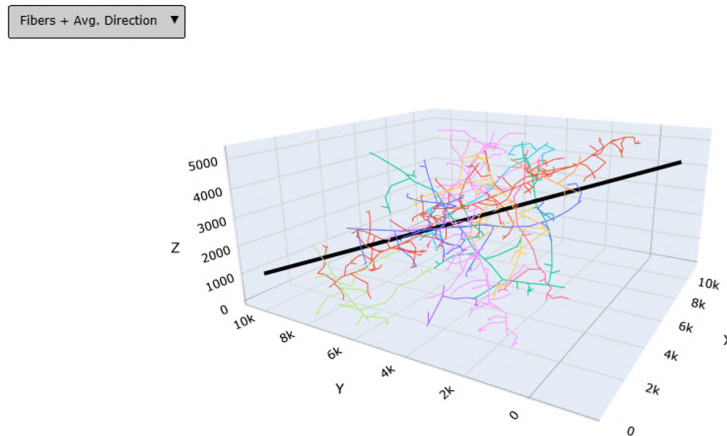


Figura 4.5: Representación tridimensional de las trayectorias de fibras nerviosas individuales y su dirección promedio.

- Interactividad y configuración:** El gráfico 3D es completamente interactivo, permitiendo al usuario rotar, hacer zoom y desplazar la vista de la escena. Se configuran los ejes (X, Y, Z) y se ajusta la cámara para una vista inicial adecuada. Se implementa un menú desplegable (`update_menus`) que permite al usuario alternar la visibilidad de los vectores directores individuales y el vector promedio, mostrando solo las fibras, las fibras más el promedio, las fibras más los vectores individuales, o todas las representaciones simultáneamente (véase Figura 4.6).

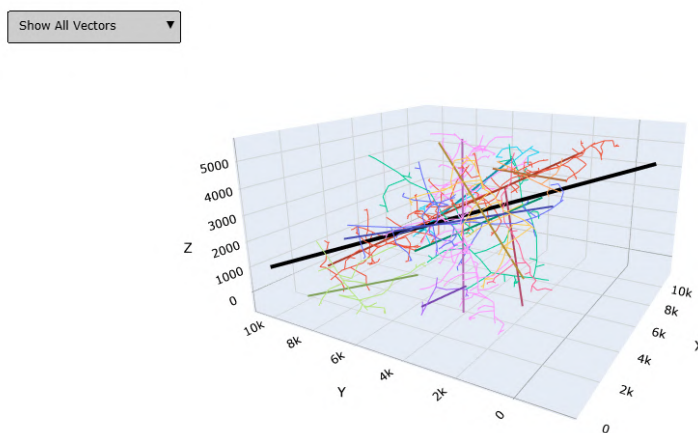


Figura 4.6: Representación tridimensional de las trayectorias de fibras nerviosas individuales, sus vectores direccionales y su dirección promedio.

Esfera de dirección para el vector promedio

Esta visualización tiene como objetivo representar la orientación del vector de dirección promedio del conjunto de fibras en una esfera unitaria, proporcionando una indicación clara de su dirección en el espacio 3D (véase Figura 4.7).

- **Esfera de referencia:** Se genera una superficie esférica semitransparente de radio unitario utilizando la función auxiliar `create_sphere_surface`, que crea los puntos (x, y, z) de una esfera.
- **Representación de la dirección promedio:** El vector de dirección promedio normalizado se dibuja como una flecha que parte del origen $(0, 0, 0)$ y apunta hacia la superficie de la esfera en la dirección calculada. Para enfatizar que la dirección opuesta representa la misma orientación, también se dibuja el vector opuesto. Esta dirección se representa con un color distintivo (negro).

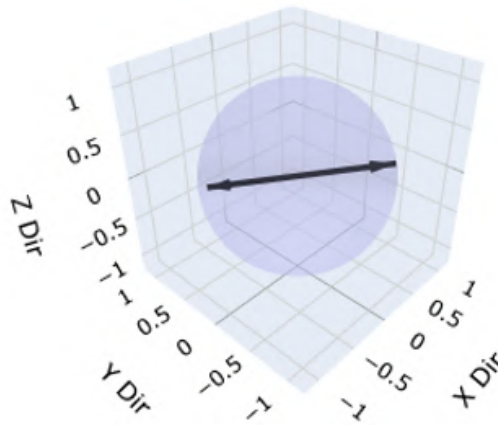


Figura 4.7: Representación tridimensional de la dirección general del conjunto de fibras nerviosas proyectada sobre una esfera unitaria.

Mapa polar de direcciones

El mapa polar ofrece una representación 2D de la distribución de las direcciones de las fibras, tanto individuales como la promedio. Este tipo de gráfico es útil para visualizar la dispersión de las orientaciones en el plano horizontal y su inclinación con respecto al eje vertical (véase Figura 4.8).

- **Transformación a coordenadas polares:** Para cada vector director (individual y promedio), que está en coordenadas cartesianas 3D y normalizado para apuntar al hemisferio superior (componente $z \geq 0$), se calculan sus coordenadas polares. Esto se realiza mediante la función `vector_to_polar_coords(vector_input)` del módulo `visualization.py`. Esta función devuelve:
 - **r_polar:** El radio en el gráfico polar, que representa la “horizontalidad” de la fibra. Se calcula como $\sin(\theta_{inc})$, donde θ_{inc} es el ángulo de inclinación con respecto al eje Z. Un valor de $r = 1$ indica una fibra completamente horizontal, y $r = 0$ una fibra vertical.
 - **azimuth_phi_deg:** El ángulo azimutal en grados, que representa la dirección

en el plano XY. Para la visualización en el gráfico polar de Plotly, este ángulo azimutal estándar (medido desde el eje X positivo, antihorario) se transforma a un ángulo visual donde 0° está en la parte superior (correspondiente al eje Y positivo) y los ángulos aumentan en sentido horario.

- **Representación de direcciones individuales:** Cada fibra individual se representa como un punto en el gráfico polar. La posición del punto está determinada por su radio polar y su ángulo azimutal transformado. El color del marcador corresponde al color asignado a la fibra en la visualización 3D principal. Al pasar el ratón sobre un punto, se muestra información sobre el archivo de origen de la fibra y sus coordenadas polares.
- **Representación de la dirección promedio:** La dirección promedio del conjunto se representa con un marcador distintivo (una estrella negra) en el mapa polar, utilizando sus correspondientes radio polar y ángulo azimutal transformado.

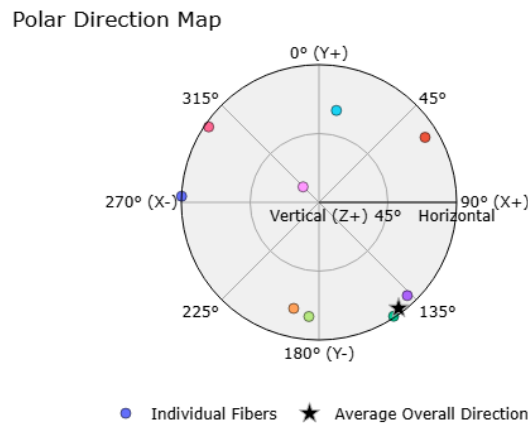


Figura 4.8: Gráfico polar que muestra las direcciones y ángulos de inclinación de las fibras nerviosas individuales (puntos coloreados) y de la dirección promedio general (estrella).

4.4.4. Interfaz de usuario

La GUI de la herramienta se ha desarrollado utilizando el framework `dash`, como se mencionó en el apartado 4.3.2. El objetivo principal del diseño de la interfaz ha sido crear un entorno intuitivo, interactivo y eficiente que permita a los usuarios cargar sus datos, ejecutar los análisis y explorar los resultados de manera sencilla. La implementación se encuentra principalmente en el módulo `app_dash.py`.

Disposición general de la interfaz

La aplicación web presenta una disposición de dos columnas principales:

- **Barra lateral:** Ubicada a la izquierda, esta barra contiene los controles principales para la interacción del usuario.
- **Área de contenido principal:** Ocupa el resto de la pantalla y es donde se muestran las visualizaciones y los resultados numéricos.

Capítulo 4. Desarrollo

Se ha optado por un esquema de colores oscuro para la interfaz general con texto claro para mejorar el contraste y reducir la fatiga visual durante el uso prolongado (véase Figura 4.9).

Componentes de la barra lateral

- **Carga de archivos:** Este es el punto de entrada principal para los datos. Permite al usuario arrastrar y soltar archivos `.wrl` o seleccionarlos mediante un diálogo del sistema. Se han implementado validaciones para el número máximo de archivos (`MAX_FILES`) y el tamaño máximo por archivo (`MAX_FILE_SIZE_BYTES`), mostrando alertas si se exceden estos límites o si se intentan cargar archivos con extensiones incorrectas.
- **Menú de exportación:** Este menú desplegable, inicialmente deshabilitado, se activa una vez que se han procesado los datos y hay resultados disponibles. Ofrece opciones para exportar los datos numéricos del análisis en formato CSV y JSON.
- **Leyenda de fibras cargadas:** Esta sección aparece después de cargar y procesar los archivos. Muestra una lista de las fibras cargadas (identificadas por su nombre de archivo), cada una con un color asignado que coincide con su representación en el gráfico 3D principal. Junto a cada nombre de fibra, se encuentra un botón con un icono de ojo que permite al usuario mostrar u ocultar interactivamente la visualización de esa fibra específica en el gráfico 3D. Además, se incluyen botones ubicados debajo de la leyenda que permiten al usuario mostrar u ocultar todas las fibras en el gráfico 3D con un solo clic, facilitando la gestión de la visibilidad cuando se cargan muchos archivos. Estos botones también se habilitan solo cuando hay fibras cargadas.

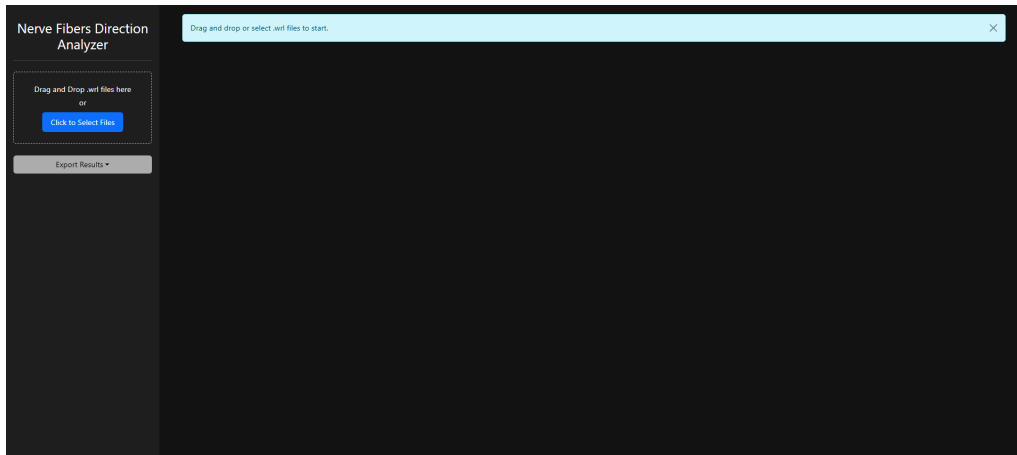


Figura 4.9: GUI principal del sistema previo a la carga de archivos.

Componentes del área de contenido principal

Esta área está diseñada para presentar los resultados del análisis de forma clara y organizada (véase Figura 4.10).

- **Gráfico 3D principal:** Ocupa la mayor parte del espacio superior. Muestra la

visualización espacial 3D de las fibras y, opcionalmente, sus vectores directores y el vector promedio, como se describió en el apartado 4.4.3.

- **Gráficos secundarios:** Ubicados debajo del gráfico principal, en una disposición de dos columnas, muestran la esfera de direcciones y el mapa polar, respectivamente. Estos gráficos complementan la visualización 3D, ofreciendo perspectivas alternativas sobre la orientación de las fibras.
- **Área de resultados numéricos:** Situada a la derecha de los gráficos, esta sección muestra los resultados numéricos clave del análisis. Principalmente, presenta la información del vector de dirección promedio del conjunto de fibras (sus componentes y los ángulos con los ejes cartesianos y coordenadas polares) en forma de una “tarjeta” de resultados.
- **Área de mensajes:** Utilizada para mostrar notificaciones al usuario, como mensajes de éxito, advertencias (por ejemplo, archivos omitidos) o errores que puedan ocurrir durante el procesamiento de los datos o la generación de los gráficos.
- **Indicador de carga:** Un *spinner* de carga se muestra sobre el área de contenido principal mientras se procesan los archivos y se generan los gráficos, proporcionando feedback visual al usuario de que la aplicación está trabajando.

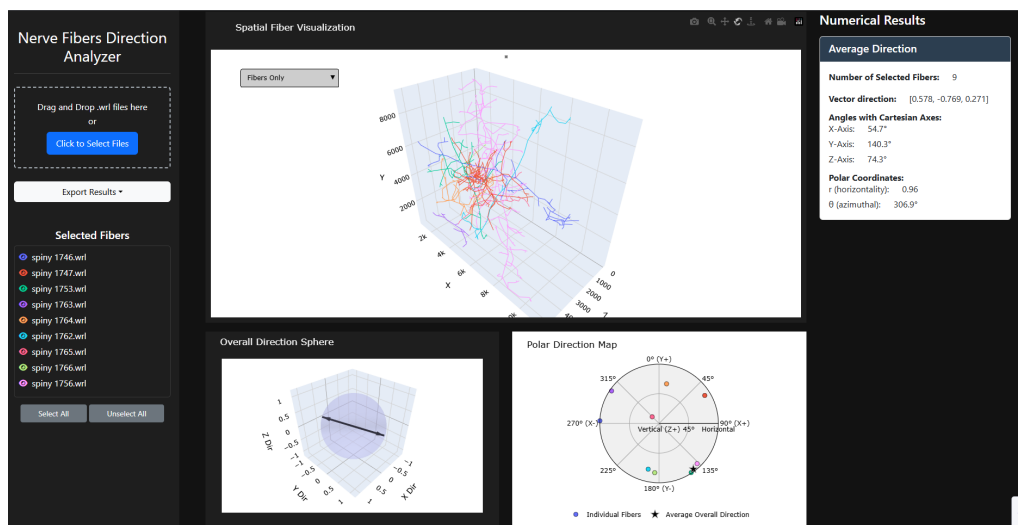


Figura 4.10: GUI principal del sistema con un conjunto de fibras cargado.

Interactividad del usuario y flujo del módulo

La interactividad es un aspecto central de la interfaz, gestionada principalmente a través de los *callbacks* de *dash*.

1. **Carga de datos:** Cuando el usuario carga archivos *.wrl* a través del componente `dcc.Upload`, se dispara el *callback* principal (`update_graphs_and_results`). Este *callback*:
 - Recibe el contenido y los nombres de los archivos.
 - Llama al módulo `file_parser.py` para extraer los segmentos de las fibras.

- Llama al módulo `analysis.py` para calcular las propiedades de las fibras (dirección individual) y la dirección promedio.
- Llama al módulo `visualization.py` para generar los tres objetos de figura de Plotly.
- Actualiza los componentes `dcc.Graph` con las nuevas figuras.
- Genera y muestra la leyenda de fibras y la tarjeta de resultados numéricos.
- Almacena los datos para exportación en un `dcc.Store` (`export-data-store`).
- Gestiona la visibilidad inicial de las fibras y actualiza el `dcc.Store` de visibilidad (`visibility-store`).
- Habilita/deshabilita los botones de exportación y selección/deselección de la leyenda según corresponda.

2. Control de visibilidad de las fibras:

- Al hacer clic en los botones de ojo de la leyenda se actualiza el `visibility-store`.
- Un *callback* adicional escucha los cambios en `visibility-store` y actualiza la propiedad visible de las trazas correspondientes en el gráfico `main-3d-plot`, mostrando u ocultando las fibras sin necesidad de recalculer toda la figura.
- Los botones “Select All” y “Unselect All” también modifican el `visibility-store` para cambiar la visibilidad de todas las fibras simultáneamente.

3. Exportación de resultados:

Al hacer clic en los botones del menú de exportación, se activan *callbacks* que leen los datos del `export-data-store` y utilizan los componentes `dcc.Download` (`download-csv`, `download-json`) para permitir al usuario descargar los resultados en el formato seleccionado (véanse Figuras 4.11, 4.12).

El uso de `dcc.Store` es fundamental para mantener el estado de la aplicación (como los datos para exportar o el estado de visibilidad de las fibras) entre diferentes interacciones de *callbacks*, permitiendo una experiencia de usuario más fluida y eficiente. El diseño general busca que la aplicación sea autoexplicativa, guiando al usuario a través del proceso de análisis de forma natural.

4.4. Implementación

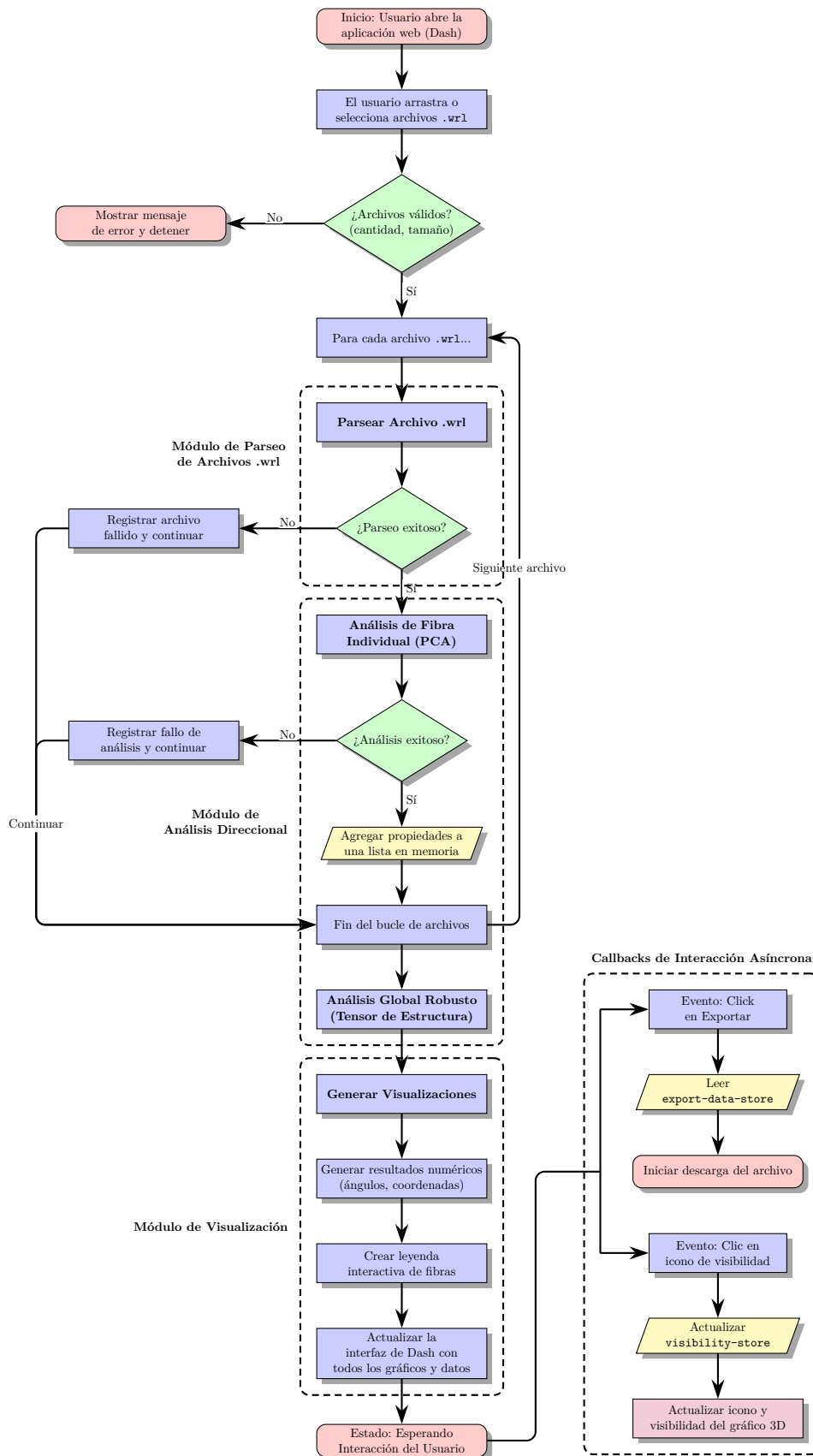


Figura 4.2: Diagrama de flujo del sistema.

```

1  {
2    "Individual Fibers": [
3      {
4        "Original Filename": "HBP-50-WT-ID24-L1-EXCITADOR2681.wr1",
5        "Direction Vector X": 0.40630728024123697,
6        "Direction Vector Y": 0.8309534351498254,
7        "Direction Vector Z": 0.3800405013096285,
8        "Angle X (degrees)": 66.02692597902093,
9        "Angle Y (degrees)": 33.80319623276461,
10       "Angle Z (degrees)": 67.66380857583677,
11       "Polar Coordinate r": 0.9249698467324902,
12       "Polar Coordinate  $\theta$  (degrees)": 63.94297773411346
13     },
14     {
15       "Original Filename": "HBP-50-WT-ID24-L1-EXCITADOR2682.wr1",
16       "Direction Vector X": 0.33560823572027687,
17       "Direction Vector Y": 0.7760099829522401,
18       "Direction Vector Z": 0.5340183690428516,
19       "Angle X (degrees)": 70.39047131925668,
20       "Angle Y (degrees)": 39.10330894866764,
21       "Angle Z (degrees)": 57.72263591560002,
22       "Polar Coordinate r": 0.84547287450563,
23       "Polar Coordinate  $\theta$  (degrees)": 66.61251785849876
24     }
25   ],
26   "Overall Summary": {
27     "Average Direction Vector X": 0.37243770822178696,
28     "Average Direction Vector Y": 0.8066872302280162,
29     "Average Direction Vector Z": 0.4588527716834176,
30     "Angle X (degrees)": 68.13396416753716,
31     "Angle Y (degrees)": 36.22648383413428,
32     "Angle Z (degrees)": 62.68689629824948,
33     "Polar Coordinate r": 0.8885123150066325,
34     "Polar Coordinate  $\theta$  (degrees)": 65.21780271115207,
35     "Number of Selected Fibers": 2
36   }
37 }

```

Figura 4.11: Ejemplo de exportación de resultados de 2 fibras en formato JSON.

```

1  Original Filename,Direction Vector X,Direction Vector Y,Direction Vector Z,Angle X (degrees),Angle
2  Y (degrees),Angle Z (degrees),Polar Coordinate r,Polar Coordinate  $\theta$  (degrees)
3  HBP-50-WT-ID24-L1-EXCITADOR2681.wr1,0.40630728024123697,0.8309534351498254,0.3800405013096285,66.0
4  2692597902093,33.80319623276461,67.66380857583677,0.9249698467324902,63.94297773411346
5  HBP-50-WT-ID24-L1-EXCITADOR2682.wr1,0.33560823572027687,0.7760099829522401,0.5340183690428516,70.3
6  9047131925668,39.10330894866764,57.72263591560002,0.84547287450563,66.61251785849876
7
8  Overall Summary
9  Average Direction Vector X,Average Direction Vector Y,Average Direction Vector Z,Angle X (degree
10 s),Angle Y (degrees),Angle Z (degrees),Polar Coordinate r,Polar Coordinate  $\theta$  (degrees),Number of S
11 elected Fibers
12 0.37243770822178696,0.8066872302280162,0.4588527716834176,68.13396416753716,36.22648383413428,62.6
13 8689629824948,0.8885123150066325,65.21780271115207,2
14
15

```

Figura 4.12: Ejemplo de exportación de resultados de 2 fibras en formato CSV.

Capítulo 5

Evaluación y Resultados

En el presente capítulo se detalla el proceso de evaluación llevado a cabo para verificar la correcta implementación y el rendimiento del sistema desarrollado para el análisis direccional de fibras nerviosas. Se exponen la metodología de pruebas, los resultados obtenidos tanto cuantitativa como cualitativamente, y una discusión crítica de los mismos.

5.1. Metodología

La evaluación del sistema se ha centrado en verificar la precisión de los algoritmos de análisis, la robustez del sistema frente a diferentes escenarios de datos y la funcionalidad general de la interfaz de usuario web.

5.1.1. Criterios de éxito y aspectos a evaluar

1. **Precisión del parseo de archivos .wrl:** Capacidad del sistema para extraer correctamente la información geométrica (puntos y segmentos) de los archivos .wrl, desde estructuras lineales simples hasta ramificaciones complejas.
2. **Precisión del análisis direccional individual:** Precisión con la que se determina el vector director principal para cada fibra nerviosa individual mediante PCA.
3. **Precisión del análisis direccional del conjunto:** Fiabilidad y exactitud del método del tensor de estructura para estimar una dirección promedio representativa del conjunto de fibras.
4. **Funcionalidad y claridad de las representaciones gráficas:** Capacidad de la interfaz web y los gráficos para presentar la información de manera intuitiva, interactiva y útil para el análisis.
5. **Rendimiento básico del sistema:** Observación general del comportamiento de la aplicación en términos de tiempos de respuesta ante la carga y procesamiento de un número representativo de archivos.

5.1.2. Métricas de evaluación

- **Pruebas unitarias:** Se ha desarrollado una *suite* de pruebas unitarias y de integración utilizando el framework `pytest` para evaluar de forma sistemática los módulos de parseo y análisis. Las pruebas verifican el comportamiento esperado ante entradas conocidas y casos límite. El resultado principal es el estado de Pasa/Falla de cada test.
- **Error angular:** Para las pruebas de precisión de los vectores directores (individuales y promedio), se calcula el ángulo (en grados) entre el vector obtenido por el sistema y el vector teórico esperado (*ground truth*) en los datos sintéticos. Un error angular cercano a cero indica alta precisión.
- **Análisis cualitativo visual:** Inspección de las visualizaciones generadas por el sistema al procesar tanto datos sintéticos como datos reales, para evaluar la coherencia y la interpretabilidad de los resultados gráficos.
- **Observación del rendimiento:** Medición informal de los tiempos de procesamiento para diferentes cargas de datos.

5.1.3. Plan de pruebas

La evaluación se ha estructurado en torno a dos tipos de conjuntos de datos.

Datos sintéticos

- Se generaron archivos `.wrl` que representan fibras con geometrías y orientaciones previamente conocidas. Estos incluyen:
 - Fibras lineales simples alineadas con los ejes cartesianos (X, Y, Z) y diagonales.
 - Estructuras ramificadas simples con conectividad definida.
 - Conjuntos de múltiples fibras con orientaciones paralelas, opuestas o mixtas para evaluar el cálculo de la dirección promedio.
 - Archivos `.wrl` malformados o con datos inválidos para probar la robustez del módulo de parseo.
- El *ground truth* para estos datos es la dirección teórica de las fibras o del conjunto. Estos datos se utilizaron principalmente en las pruebas automatizadas con `pytest`.

Datos reales

- Se seleccionó un subconjunto de archivos `.wrl` provenientes de reconstrucciones reales de neuronas (axones y dendritas) para evaluar el comportamiento del sistema con datos complejos y representativos de escenarios de investigación.
- La evaluación con estos datos fue principalmente cualitativa, centrada en la coherencia de las visualizaciones y la interpretabilidad de los resultados.

El procedimiento de prueba implicó ejecutar la *suite* de `pytest` para los datos sintéticos y utilizar la aplicación web Dash para cargar y analizar los datos reales, observando las salidas gráficas y numéricas.

5.1.4. Especificaciones del sistema

La evaluación del sistema se ejecutó en un ordenador con las siguientes especificaciones:

- **Procesador (CPU):** 12th Gen Intel(R) Core(TM) i5-1235U, 1.30 GHz (10 procesadores principales, 12 procesadores lógicos).
- **Memoria RAM:** 16 GigaBytes (GB).
- **Sistema Operativo:** Microsoft Windows 11 Pro, Versión 10.0.26100 Compilación 26100.
- **Tarjeta gráfica:** Intel(R) Iris(R) Xe Graphics.

5.2. Evaluación

A continuación, se presentan los resultados obtenidos de las diferentes fases de evaluación del sistema.

5.2.1. Evaluación del módulo de parseo de archivos

Se implementó una serie de pruebas automatizadas con `pytest` para validar la capacidad del módulo de parseo para procesar correctamente diversos tipos de archivos `.wrl`. Estas pruebas incluyeron:

- Parseo de archivos con una única línea simple.
- Parseo de archivos con estructuras ramificadas definidas.
- Manejo de archivos `.wrl` vacíos o que no contienen nodos `IndexedLineSet`.
- Comportamiento ante datos de puntos no numéricos o con un número incorrecto de coordenadas por punto.
- Manejo de `coordIndex` con índices fuera de rango o no numéricos.
- Procesamiento de archivos con múltiples nodos `IndexedLineSet`.

Resultados

Tras la ejecución de la *suite* de pruebas (que incluye 13 casos específicos para este módulo), se verificó que el módulo `file_parser.py` es capaz de extraer correctamente la información geométrica de archivos `.wrl` bien formados, incluyendo aquellos con múltiples segmentos y ramificaciones. Además, el sistema demostró un manejo adecuado de errores para archivos malformados o con contenido no esperado, generalmente retornando `None` o una lista vacía de segmentos, lo que previene fallos en módulos posteriores.

5.2.2. Evaluación del módulo de análisis para fibras individuales

La precisión del cálculo del vector director para fibras individuales mediante PCA se evaluó utilizando datos sintéticos con orientaciones conocidas.

Resultados

Se ejecutaron 13 escenarios de prueba principales automatizados. Los resultados demostraron una alta precisión en la determinación del vector director. Para fibras sintéticas alineadas con los ejes cartesianos o con orientaciones diagonales simples, el error angular fue consistentemente de 0.0000° , indicando una coincidencia prácticamente perfecta con la dirección teórica.

Caso de Prueba Sintético (Individual)	Vector Esperado (Normalizado)	Vector Calculado (Normalizado)	Error Angular ($^\circ$)
Fibra alineada con Eje X	[1.0, 0.0, 0.0]	[1.000, 0.000, 0.000]	0.0000
Fibra alineada con Eje Y	[0.0, 1.0, 0.0]	[0.000, 1.000, 0.000]	0.0000
Fibra diagonal en plano XY (45°)	[0.707, 0.707, 0.0]	[0.707, 0.707, 0.000]	0.0000
Fibra con múltiples segmentos colineales (Eje X)	[1.0, 0.0, 0.0]	[1.000, 0.000, 0.000]	0.0000

Cuadro 5.1: Resultados de los casos de prueba sintéticos individuales: comparación entre el vector esperado, vector calculado y el error angular.

Las pruebas también confirmaron que la función maneja correctamente casos límite, como la ausencia de puntos suficientes o la presencia de puntos idénticos (resultando en la no determinación de un vector director, como es esperado, devolviendo *None*).

5.2.3. Evaluación del módulo de análisis para conjuntos de fibras

Se evaluó la robustez y precisión del cálculo de la dirección promedio del conjunto de fibras mediante diversos conjuntos de fibras sintéticas. Las pruebas automatizadas con `pytest` fueron fundamentales en esta fase, ya que inicialmente revelaron que la función `calculate_overall_direction` no manejaba correctamente ciertos casos degenerados. Específicamente, cuando los dos autovalores principales del tensor de estructura promedio eran muy similares (indicando un plano principal de orientación en lugar de una única dirección dominante, como en el caso de dos vectores de entrada ortogonales), la selección del autovector principal podía resultar en una dirección no intuitiva o inconsistente con el promedio simple de las orientaciones de entrada. Este comportamiento se manifestó en el fallo de pruebas que evaluaban la dirección.

Para solventar esta deficiencia, se refinó la lógica de la función del módulo de análisis que calcula el promedio mediante el tensor de estructura para detectar estos casos de degeneración de autovalores. En tales escenarios, en lugar de depender únicamente del primer autovector (cuya orientación dentro del plano principal puede ser arbitraria), se optó por utilizar el promedio simple normalizado de los vectores de entrada como una dirección representativa más estable dentro de dicho plano, siempre que este promedio simple no fuera nulo. Esta modificación aseguró que, incluso en situaciones de alta simetría o dispersión planar, la dirección promedio calculada fuera coherente y representativa.

Resultados

Tras la implementación de estas mejoras, se ejecutaron 12 casos de prueba. Los resultados fueron:

- **Con una sola fibra:** El vector promedio general coincidió con el vector director de la fibra individual.
- **Con fibras paralelas:** El promedio general apuntó correctamente en la misma dirección que las fibras.
- **Con fibras opuestas:** Para un conjunto de dos fibras con vectores directores exactamente opuestos, el método identificó correctamente el eje principal, y el ajuste de signo aseguró una dirección consistente.
- **Con mezclas de direcciones:** En conjuntos con una dirección predominante, el promedio reflejó correctamente esta dirección.
- **Estabilidad y casos degenerados:** Se verificó que el resultado es independiente del orden de entrada de las fibras. El manejo mejorado de casos degenerados ahora produce un resultado coherente, permitiendo la superación de todas las pruebas diseñadas para esta funcionalidad.
- **Datos inválidos:** La función gestionó adecuadamente listas vacías o con valores *None*.

Caso de Prueba (Promedio General)	Dirección Promedio Esperada	Dirección Promedio Calculada	Error Angular (°)
Grupo 3 Fibras Paralelas Eje X	[1.0, 0.0, 0.0]	[1.000, 0.000, 0.000]	0.0000
Grupo 2 Fibras Opuestas Eje X	[1.0, 0.0, 0.0]	[1.000, 0.000, 0.000]	0.0000
Grupo Mixto (2X, 1Y)	[1.0, 0.0, 0.0]	[1.000, 0.000, 0.000]	0.0000
Grupo con valores <i>None</i> (X e Y)	[0.707, 0.707, 0.0]	[0.707, 0.707, 0.000]	0.0000

Cuadro 5.2: Resultados de los casos de prueba sintéticos para la dirección promedio general: comparación entre la dirección esperada, la calculada y el error angular.

Estos resultados confirman que el método del tensor de estructura, con las mejoras implementadas, proporciona una estimación precisa y robusta de la dirección promedio del conjunto. Todas las pruebas automatizadas diseñadas para esta funcionalidad pasaron exitosamente tras los refinamientos.

5.2.4. Evaluación de las visualizaciones y usabilidad de la interfaz

Para probar la interfaz web y los gráficos, cargamos y analizamos datos reales que son representativos.

- **Visualización espacial:** Las fibras, incluso las dendritas con muchas ramas, se ven bien y de forma fiel en el gráfico principal. La opción de mostrar los vectores

directores ayuda a ver si los cálculos de dirección tienen sentido con la forma de la fibra.

- **Esfera de dirección:** Ver la dirección promedio como dos flechas opuestas en una esfera ayuda a entender claramente su orientación, sin importar dónde esté la fibra en el espacio.
- **Gráfico polar:** Este gráfico es un buen resumen en 2D de cómo se distribuyen las direcciones de todas las fibras (mirando solo el hemisferio norte) y dónde intersecta el promedio. Las etiquetas ayudan a entender qué significa estar en el centro (vertical) o en el borde (horizontal) y en qué dirección sobre el plano XY.
- **Interfaz gráfica:** La aplicación web carga bien múltiples archivos `.wr1` y los resultados numéricos se ven claros junto a los gráficos, ayudando a matizar la información que se obtiene mediante las gráficas visuales.

En general, los gráficos y las herramientas interactivas funcionan bien para explorar y entender la orientación de las fibras.

5.2.5. Observaciones sobre el rendimiento

Durante las pruebas con conjuntos de hasta 50 fibras de complejidad variable, la aplicación Dash respondió en tiempos considerados aceptables para un entorno de investigación interactivo. El parseo y análisis de cada fibra individual es rápido, y la generación de los gráficos se completa en pocos segundos para conjuntos de tamaño moderado. Adicionalmente, se ha evaluado el tiempo de carga y visualización para un conjunto de 118 fibras (compuesto por 76 axones y 42 dendritas), obteniendo un tiempo promedio de 55 segundos, de acuerdo con las especificaciones de hardware detalladas en el apartado 5.1.4. No se han realizado pruebas con conjuntos extremadamente grandes de fibras, lo cual podría ser un área para optimización futura.

5.3. Resultados y discusión

La evaluación del sistema ha arrojado resultados mayoritariamente positivos, validando el correcto funcionamiento de los algoritmos implementados y la utilidad de la interfaz de visualización desarrollada.

Análisis de resultados y decisiones de diseño

Los resultados de las pruebas automatizadas con datos sintéticos demuestran que los componentes centrales del sistema (el parseo de archivos `.wr1`, el cálculo del vector director individual y la estimación de la dirección promedio general) funcionan con alta precisión. Los errores angulares obtenidos se encuentran consistentemente en el orden de 0.0000° para la mayoría de los casos de prueba, lo cual es indicativo de una implementación correcta de los métodos numéricos empleados.

Una decisión de diseño crucial fue la adopción del método del tensor de estructura para el cálculo de la dirección promedio. Como se detalló en la sección 5.2.3, las pruebas pytest fueron instrumentales para identificar y refinar el comportamiento de este algoritmo, particularmente en casos degenerados donde la orientación principal no estaba unívocamente

definida por el autovector dominante del tensor de estructura. La solución implementada, que recurre al promedio simple de los vectores en tales escenarios, aseguró la robustez y coherencia del resultado, permitiendo que la totalidad de la *suite* de pruebas fuera superada. La metodología del tensor de estructura, así refinada, es inherentemente insensible al signo de los vectores individuales y al orden de procesamiento, proporcionando una medida de tendencia central significativamente más estable que alternativas más simples.

Las visualizaciones coordinadas ofrecen múltiples perspectivas sobre los datos. La vista tridimensional de las fibras permite una inspección directa de la morfología y los vectores. La esfera de dirección proporciona un marco de referencia absoluto para la orientación promedio, y el gráfico polar resume la distribución de todas las orientaciones. La decisión de representar solo el hemisferio norte en el mapa polar simplifica la interpretación, dado que la orientación de una línea es bidireccional.

Conclusiones

La evaluación realizada confirma que el sistema desarrollado cumple con los objetivos principales de analizar y visualizar la orientación de fibras nerviosas a partir de archivos `.wr1`. Los algoritmos implementados para el cálculo de vectores directores individuales y la dirección promedio del conjunto son precisos y robustos bajo las condiciones probadas. Las visualizaciones interactivas proporcionan herramientas valiosas para la exploración e interpretación de los datos direccionales. Las pruebas automatizadas han sido fundamentales para verificar el funcionamiento de los componentes de análisis y para identificar y refinar la lógica de estos, asegurando la superación de la totalidad de la *suite* de pruebas.

5.4. Estado de requisitos

Para concluir la evaluación del sistema desarrollado, es pertinente revisar el grado de cumplimiento de los RF y RNF establecidos en el apartado 4.1.2. Esta revisión permite verificar si los objetivos planteados han sido alcanzados y en qué medida. A continuación, se presenta una tabla que resume dicho estado.

ID	Descripción del Requisito	Estado	Impacto
Requisitos Funcionales (RF)			
<i>Gestión de datos de entrada y procesamiento inicial</i>			
RF 01	El sistema deberá permitir al usuario la carga de uno o múltiples archivos en formato <code>.wr1</code> , los cuales contienen la representación espacial de las fibras nerviosas.	Completado	Alto
RF 02	El sistema deberá analizar (parsear) los archivos <code>.wr1</code> para extraer las coordenadas tridimensionales de los puntos que definen la trayectoria de cada fibra.	Completado	Alto
<i>Análisis direccional individual de fibras</i>			
RF 03	Para cada fibra procesada, el sistema deberá calcular su vector de dirección principal.	Completado	Alto

Continúa en la página siguiente

Tabla 5.3 continuación de la página anterior

ID	Descripción del Requisito	Estado	Impacto
RF 04	Para cada fibra, el sistema deberá determinar los ángulos que su vector de dirección principal forma con los ejes cartesianos (X, Y, Z) .	Completado	Medio
RF 05	Para cada fibra, el sistema deberá calcular sus coordenadas polares (r, θ) a partir de su vector director principal, representando la horizontalidad y el azimut.	Completado	Medio
<i>Análisis direccional del conjunto de fibras</i>			
RF 06	Cuando se analicen múltiples fibras, el sistema deberá calcular un vector de dirección promedio o predominante para el conjunto total de fibras.	Completado	Alto
RF 07	El sistema deberá determinar los ángulos que el vector de dirección promedio del conjunto forma con los ejes cartesianos (X, Y, Z) .	Completado	Medio
RF 08	El sistema deberá calcular las coordenadas polares (r, θ) , que representan la horizontalidad y azimut, para el vector de dirección promedio del conjunto.	Completado	Alto
<i>Visualización de resultados</i>			
RF 09	El sistema deberá generar una visualización tridimensional interactiva que muestre las trayectorias espaciales de las fibras cargadas.	Completado	Alto
RF 10	La visualización 3D deberá permitir al usuario mostrar u ocultar opcional mente los vectores de dirección principal de cada fibra individual.	Completado	Alto
RF 11	La visualización 3D deberá permitir al usuario mostrar u ocultar opcional mente el vector de dirección promedio del conjunto de fibras.	Completado	Alto
RF 12	El sistema deberá generar una representación gráfica en una esfera unitaria para visualizar el vector de dirección promedio.	Completado	Alto
RF 13	El sistema deberá generar un mapa polar que muestre la distribución de las direcciones de las fibras individuales, así como la dirección promedio del conjunto.	Completado	Alto
<i>Presentación de resultados e interfaz de usuario</i>			
RF 14	El sistema deberá mostrar en la interfaz los valores numéricos del vector de dirección promedio (componentes X, Y, Z), sus ángulos con los ejes cartesianos y sus coordenadas polares.	Completado	Alto
RF 15	El sistema deberá contar con una interfaz gráfica web que permita al usuario interactuar con todas sus funcionalidades, incluyendo la carga de archivos, la visualización de resultados y la exportación de datos.	Completado	Alto

Continúa en la página siguiente

5.4. Estado de requisitos

Tabla 5.3 continuación de la página anterior

ID	Descripción del Requisito	Estado	Impacto
RF 16	La interfaz deberá mostrar una leyenda interactiva de los archivos cargados y procesados, permitiendo controlar la visibilidad de las fibras en las visualizaciones.	Completado	Medio
<i>Exportación de resultados</i>			
RF 17	El sistema deberá ofrecer la funcionalidad de exportar los resultados del análisis cuantitativo (datos de fibras individuales y resumen del conjunto) en formatos estándar como CSV y JSON.	Completado	Alto
Requisitos No Funcionales (RNF)			
<i>Usabilidad</i>			
RNF 01	La interfaz de usuario deberá ser intuitiva, clara y fácil de utilizar, permitiendo a los investigadores con distintos niveles de experiencia técnica operar el sistema eficientemente.	Completado	Alto
RNF 02	Las representaciones gráficas 3D deberán ser interactivas, permitiendo al usuario manipular la vista (rotar, hacer zoom, desplazar) para una mejor exploración de los datos.	Completado	Alto
RNF 03	El sistema deberá proporcionar mensajes informativos al usuario sobre el estado del procesamiento, incluyendo confirmaciones de carga, progreso y eventuales errores.	Completado	Medio
<i>Rendimiento</i>			
RNF 04	El sistema deberá ser capaz de gestionar la carga y el análisis de un volumen considerable de datos en tiempos de respuesta razonables.	Parcial	Medio
RNF 05	Los algoritmos matemáticos implementados para el cálculo de direcciones y ángulos deberán ser precisos y basarse en métodos numéricamente estables.	Completado	Alto
<i>Compatibilidad y mantenibilidad</i>			
RNF 06	La aplicación web deberá ser compatible con las versiones recientes de los navegadores web más utilizados.	Completado	Medio
RNF 07	El código fuente del sistema deberá estar organizado de forma modular para facilitar su comprensión, mantenimiento y futuras extensiones.	Completado	Alto

Cuadro 5.3: Estado de cumplimiento de los requisitos funcionales y no funcionales del sistema.

El análisis detallado del cumplimiento de estos requisitos evidencia que la gran mayoría de las funcionalidades y características deseadas han sido implementadas exitosamente. El sistema resultante es capaz de procesar los datos de entrada, realizar los análisis direccionales propuestos y presentar los resultados de manera interactiva y comprensible.

Capítulo 5. Evaluación y Resultados

Los requisitos no funcionales relacionados con la usabilidad, la precisión algorítmica y la modularidad del código también se consideran satisfechos. Áreas como el rendimiento en cargas masivas o la exhaustividad de los mensajes de error, aunque funcionales, se identifican como puntos con potencial de mejora futura, tal como se discute en la sección 7. En general, el estado de los requisitos refleja un alto grado de cumplimiento de los objetivos del proyecto, validando la viabilidad y utilidad del sistema desarrollado.

Capítulo 6

Análisis de impacto

Como se ha detallado a lo largo de este trabajo, la herramienta desarrollada para el estudio cuantitativo de la dirección de las fibras nerviosas en el cerebro posee un impacto tangible y significativo, especialmente en el avance del conocimiento neurocientífico. Su capacidad para facilitar un análisis cuantitativo más preciso y automatizado de la organización direccional de las fibras nerviosas la convierte en un valioso aliado para la comunidad investigadora. La robustez de los algoritmos implementados y la claridad de sus visualizaciones interactivas han sido cuidadosamente consideradas para asegurar su utilidad real. Se confía en que esta capacidad de análisis contribuirá a una comprensión más profunda de la compleja estructura cerebral.

A nivel cultural y educativo, se espera que esta herramienta tenga una acogida favorable. Las visualizaciones 3D interactivas no solo sirven al análisis experto, sino que también pueden funcionar como un potente recurso para la divulgación científica, acercando la compleja arquitectura del cerebro a un público más amplio, y estimulando el interés por la neurociencia. En el ámbito formativo, el sistema puede servir como una plataforma práctica para que estudiantes e investigadores se familiaricen con el análisis de datos neuroanatómicos tridimensionales, promoviendo una educación de calidad y prácticas de ciencia reproducible. La potencial liberación del código fuente, además, apoyaría una cultura de ciencia abierta y colaborativa, maximizando su alcance.

Considerando los ODS de la Agenda 2030, este trabajo se alinea de forma indirecta pero relevante con el ODS 3 (Salud y Bienestar), al potenciar la investigación neurocientífica; con el ODS 4 (Educación de Calidad), al ofrecerse como un potencial recurso formativo; y con el ODS 9 (Industria, Innovación e Infraestructura), mediante el desarrollo de software científico innovador que puede sentar bases para futuras herramientas.

Capítulo 7

Conclusiones y trabajo futuro

La herramienta desarrollada en este TFG ha demostrado ser una solución innovadora y efectiva para avanzar en la comprensión de la compleja arquitectura cerebral. Proporciona una alternativa digital y automatizada, superando las limitaciones de los análisis puramente manuales, a través de funcionalidades como el parseo de archivos `.wrl`, la precisa determinación de la dirección de fibras individuales y la estimación de la dirección promedio de conjuntos. Además, la interfaz gráfica web desarrollada ha permitido una exploración interactiva e intuitiva de los resultados, facilitando la validación visual y la interpretación de los datos direccionales a través de múltiples representaciones coordinadas (vista tridimensional, esfera de dirección y gráfico polar). La evaluación del sistema ha confirmado la validez de los algoritmos y la utilidad de la herramienta como un instrumento práctico para la investigación neurocientífica.

Con el objetivo de mejorar y expandir las capacidades de esta herramienta, se proponen las siguientes iniciativas, derivadas de las limitaciones identificadas en la fase actual del proyecto:

- **Optimización para grandes volúmenes y escalabilidad:** Aunque eficiente con conjuntos de datos moderados, se podrían investigar e implementar optimizaciones en los algoritmos de parseo y análisis y explorar técnicas de virtualización de gráficos en la interfaz para manejar con mayor fluidez volúmenes de datos extremadamente grandes, como los que pueden surgir en estudios a gran escala. La integración con bases de datos científicas podría considerarse para proyectos de mayor envergadura.
- **Ampliación del análisis estadístico:** Más allá de los descriptores básicos actuales, se podría enriquecer la herramienta implementando el cálculo de métricas de dispersión angular y anisotropía, añadir funcionalidades de análisis de agrupamiento (clustering) para identificar subpoblaciones de fibras con orientaciones similares, e incorporar herramientas para realizar pruebas estadísticas comparativas entre diferentes grupos de fibras (por ejemplo entre axones y dendritas).
- **Análisis morfológico detallado de las fibras:** Para una caracterización más completa, se podrían implementar algoritmos que calculen parámetros geométricos locales como la curvatura y la torsión en diferentes puntos a lo largo de la trayectoria de cada fibra, visualizando estos parámetros directamente sobre las reconstrucciones 3D para ofrecer una visión más completa de su morfología.

- **Mejoras en la interacción visual:** Se podría potenciar la interactividad permitiendo la selección de fibras o regiones de interés directamente en la visualización 3D para análisis focalizados, así como añadir herramientas que permitan a los usuarios incorporar etiquetas o anotaciones en las diferentes vistas gráficas.
- **Soporte multiformato para datos de entrada:** Para incrementar la versatilidad, sería altamente recomendable desarrollar o integrar módulos de parseo para otros formatos de archivo comunes en la representación de morfologías neuronales.

Junto con las mejoras previstas, esta herramienta posee el potencial de consolidarse como un recurso de gran valor para la comunidad neurocientífica, al facilitar una comprensión más profunda de la arquitectura conectiva del cerebro y estimular nuevas líneas de investigación en este fascinante campo.

Bibliografía

- [1] E. R. Kandel, J. H. Schwartz, T. M. Jessell, S. Siegelbaum, A. J. Hudspeth, S. Mack et al., *Principles of neural science*. McGraw-hill New York, 2000, vol. 4.
- [2] V. B. Mountcastle, *Perceptual neuroscience: The cerebral cortex*. Harvard University Press, 1998.
- [3] R. R. Llinás, «The contribution of Santiago Ramon y Cajal to functional neuroscience», *Nature Reviews Neuroscience*, vol. 4, n.º 1, págs. 77-80, 2003.
- [4] S. Lodato y P. Arlotta, «Generating neuronal diversity in the mammalian cerebral cortex», *Annual review of cell and developmental biology*, vol. 31, n.º 1, págs. 699-720, 2015.
- [5] J. H. Schwartz, E. R. Kandel y T. M. Jessell, *Principios de neurociencia*. McGraw-Hill-Interamericana, 2001.
- [6] D. Debanne, E. Campanac, A. Bialowas, E. Carlier y G. Alcaraz, «Axon physiology», *Physiological reviews*, vol. 91, n.º 2, págs. 555-602, 2011.
- [7] J. C. Fiala, K. M. Harris et al., «Dendrite structure», *Dendrites*, vol. 2, págs. 1-11, 1999.
- [8] D. M. Maynard, «Organization of neuropil», *American Zoologist*, págs. 79-96, 1962.
- [9] J. D. Schmahmann y D. Pandya, *Fiber pathways of the brain*. OUP USA, 2009.
- [10] V. B. Mountcastle, «The columnar organization of the neocortex.», *Brain: a journal of neurology*, vol. 120, n.º 4, págs. 701-722, 1997.
- [11] D. Sanchez, M. Adjouadi, N. R. Altman, D. Sanchez y B. Bernal, «Comprehensive 3D fiber tracking as a new visualization system in brain studies», *International Journal of Image and Graphics*, vol. 7, n.º 04, págs. 749-765, 2007.
- [12] A. E. Sullivan, S. J. Tappan, P. Angstman et al., «A comprehensive, FAIR file format for neuroanatomical structure modeling», *Neuroinformatics*, vol. 20, n.º 1, págs. 221-240, 2022.
- [13] M. Berning, K. M. Boergens y M. Helmstaedter, «SegEM: efficient image analysis for high-resolution connectomics», *Neuron*, vol. 87, n.º 6, págs. 1193-1206, 2015.
- [14] G. Bell, A. Parisi y M. Pesce, «The virtual reality modeling language», *vol. Version*, vol. 1, 1995.
- [15] S. Jbabdi y H. Johansen-Berg, «Tractography: where do we go from here?», *Brain connectivity*, vol. 1, n.º 3, págs. 169-183, 2011.

- [16] M. D. Budde y J. Annese, «Quantification of anisotropy and fiber orientation in human brain histological sections», *Frontiers in integrative neuroscience*, vol. 7, pág. 3, 2013.
- [17] M. Greenacre, P. J. Groenen, T. Hastie, A. I. d'Enza, A. Markos y E. Tuzhilina, «Principal component analysis», *Nature Reviews Methods Primers*, vol. 2, n.º 1, pág. 100, 2022.
- [18] H. Abdi y L. J. Williams, «Principal component analysis», *Wiley interdisciplinary reviews: computational statistics*, vol. 2, n.º 4, págs. 433-459, 2010.
- [19] NumXL. «Principal Component Analysis (PCA) 101». Última visita: 4 de junio de 2025. (2022), dirección: <https://numxl.com/blogs/principal-component-analysis-pca-101/>.
- [20] T. Brox, R. Van Den Boomgaard, F. Lauze et al., «Adaptive structure tensors and their applications», en *Visualization and processing of tensor fields*, Springer, 2006, págs. 17-47.
- [21] O. Sporns, G. Tononi y R. Kötter, «The human connectome: a structural description of the human brain», *PLoS computational biology*, vol. 1, n.º 4, e42, 2005.
- [22] A. Fornito, A. Zalesky y M. Breakspear, «The connectomics of brain disorders», *Nature Reviews Neuroscience*, vol. 16, n.º 3, págs. 159-172, 2015.
- [23] H. Johansen-Berg y T. E. Behrens, *Diffusion MRI: from quantitative measurement to in vivo neuroanatomy*. Academic Press, 2013.
- [24] D. C. Van Essen, S. M. Smith, D. M. Barch et al., «The WU-Minn human connectome project: an overview», *Neuroimage*, vol. 80, págs. 62-79, 2013.
- [25] K. Amunts, C. Lepage, L. Borgeat et al., «BigBrain: an ultrahigh-resolution 3D human brain model», *science*, vol. 340, n.º 6139, págs. 1472-1475, 2013.
- [26] D. S. Tuch, T. G. Reese, M. R. Wiegell, N. Makris, J. W. Belliveau y V. J. Wedeen, «High angular resolution diffusion imaging reveals intravoxel white matter fiber heterogeneity», *Magnetic Resonance in Medicine: An Official Journal of the International Society for Magnetic Resonance in Medicine*, vol. 48, n.º 4, págs. 577-582, 2002.
- [27] P. J. Basser, S. Pajevic, C. Pierpaoli, J. Duda y A. Aldroubi, «In vivo fiber tractography using DT-MRI data», *Magnetic resonance in medicine*, vol. 44, n.º 4, págs. 625-632, 2000.
- [28] J.-D. Tournier, F. Calamante y A. Connelly, «Robust determination of the fibre orientation distribution in diffusion MRI: non-negativity constrained super-resolved spherical deconvolution», *Neuroimage*, vol. 35, n.º 4, págs. 1459-1472, 2007.
- [29] M. Turegano-Lopez, F. de Las Pozas, A. Santuy, J.-R. Rodriguez, J. DeFelipe y A. Merchan-Perez, «Tracing nerve fibers with volume electron microscopy to quantitatively analyze brain connectivity», *Communications Biology*, vol. 7, n.º 1, pág. 796, 2024.
- [30] D. K. Jones, T. R. Knösche y R. Turner, «White matter integrity, fiber count, and other fallacies: The do's and don'ts of diffusion MRI», *NeuroImage*, vol. 73, págs. 239-254, 2013, ISSN: 1053-8119. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.neuroimage.2012.06.081>. dirección: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1053811912007306>.

- [31] R. A. Poldrack, C. I. Baker, J. Durnez et al., «Scanning the horizon: towards transparent and reproducible neuroimaging research», *Nature reviews neuroscience*, vol. 18, n.º 2, págs. 115-126, 2017.
- [32] J. W. Lichtman y W. Denk, «The big and the small: challenges of imaging the brain's circuits», *Science*, vol. 334, n.º 6056, págs. 618-623, 2011.
- [33] K. L. Briggman y D. D. Bock, «Volume electron microscopy for neuronal circuit reconstruction», *Current Opinion in Neurobiology*, vol. 22, n.º 1, págs. 154-161, 2012, Neurotechnology, ISSN: 0959-4388. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.conb.2011.10.022>. dirección: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0959438811001887>.
- [34] M. B. Ahrens, M. B. Orger, D. N. Robson, J. M. Li y P. J. Keller, «Whole-brain functional imaging at cellular resolution using light-sheet microscopy», *Nature methods*, vol. 10, n.º 5, págs. 413-420, 2013.
- [35] E. A. Susaki, K. Tainaka, D. Perrin et al., «Whole-brain imaging with single-cell resolution using chemical cocktails and computational analysis», *Cell*, vol. 157, n.º 3, págs. 726-739, 2014.
- [36] D. E. Donohue y G. A. Ascoli, «Automated reconstruction of neuronal morphology: an overview», *Brain research reviews*, vol. 67, n.º 1-2, págs. 94-102, 2011.
- [37] H. Peng, Z. Ruan, F. Long, J. H. Simpson y E. W. Myers, «V3D enables real-time 3D visualization and quantitative analysis of large-scale biological image data sets», *Nature biotechnology*, vol. 28, n.º 4, págs. 348-353, 2010.
- [38] E. Meijering, «Neuron tracing in perspective», *Cytometry Part A*, vol. 77, n.º 7, págs. 693-704, 2010.
- [39] M. Helmstaedter, «Cellular-resolution connectomics: challenges of dense neural circuit reconstruction», *Nature methods*, vol. 10, n.º 6, págs. 501-507, 2013.
- [40] M. Turegano-Lopez, F. de las Pozas, J.-R. Rodríguez, J. DeFelipe y A. Merchán-Pérez, «Espina: A Software Tool for the Study of 3D Synaptic Organization», en *New Aspects in Analyzing the Synaptic Organization of the Brain*, Springer, 2024, págs. 105-121.
- [41] J. H. Lübke y A. Rollenhagen, *New Aspects in Analyzing the Synaptic Organization of the Brain*. Springer Nature, 2024.
- [42] R. C. Cannon, D. A. Turner, G. Pyapali y H. Wheal, «An on-line archive of reconstructed hippocampal neurons», *Journal of neuroscience methods*, vol. 84, n.º 1-2, págs. 49-54, 1998.
- [43] A. Nazaran, J. J. Wisco, N. Hageman et al., «Methodology for computing white matter nerve fiber orientation in human histological slices», *Journal of neuroscience methods*, vol. 261, págs. 75-84, 2016.
- [44] M. Menzel, J. A. Reuter, D. Gräbel, I. Costantini, K. Amunts y M. Axer, «Automated computation of nerve fibre inclinations from 3D polarised light imaging measurements of brain tissue», *Scientific reports*, vol. 12, n.º 1, pág. 4328, 2022.
- [45] M. Moritani, H. Kida, Y. Nagase et al., «Quantitative analysis of the dendritic architectures of single jaw-closing and jaw-opening motoneurons in cats», *Experimental brain research*, vol. 150, págs. 265-275, 2003.




- [46] K. P. Quinn e I. Georgakoudi, «Rapid quantification of pixel-wise fiber orientation data in micrographs», *Journal of Biomedical Optics*, vol. 18, n.º 4, págs. 046 003-046 003, 2013.
- [47] D. Zhang, F. Huang, M. Khansari et al., «Automatic corneal nerve fiber segmentation and geometric biomarker quantification», *The European Physical Journal Plus*, vol. 135, n.º 2, pág. 266, 2020.
- [48] R. Scorcioni, S. Polavaram y G. A. Ascoli, «L-Measure: a web-accessible tool for the analysis, comparison and search of digital reconstructions of neuronal morphologies», *Nature protocols*, vol. 3, n.º 5, págs. 866-876, 2008.
- [49] J. Yelnik, G. Percheron, C. Francois e Y. Burnod, «Principal component analysis: a suitable method for the 3-dimensional study of the shape, dimensions and orientation of dendritic arborizations», *Journal of neuroscience methods*, vol. 9, n.º 2, págs. 115-125, 1983.
- [50] B. Jeurissen, J.-D. Tournier, T. Dhollander, A. Connelly y J. Sijbers, «Multi-tissue constrained spherical deconvolution for improved analysis of multi-shell diffusion MRI data», *NeuroImage*, vol. 103, págs. 411-426, 2014.
- [51] S. G. Advani y C. L. Tucker III, «The use of tensors to describe and predict fiber orientation in short fiber composites», *Journal of rheology*, vol. 31, n.º 8, págs. 751-784, 1987.
- [52] J.-D. Tournier, F. Calamante y A. Connelly, «MRtrix: diffusion tractography in crossing fiber regions», *International journal of imaging systems and technology*, vol. 22, n.º 1, págs. 53-66, 2012.
- [53] MBF Bioscience, *NeuroLucida (versión 2024.X.X)*, <https://www.mbfbioscience.com/products/neuroLucida/>, RRID: SCR_001775, 2024.
- [54] K. Anderson, E. Yamamoto, J. Kaplan, M. Hannan y B. Jacobs, «NeuroLucida Lucivid versus NeuroLucida camera: A quantitative and qualitative comparison of three-dimensional neuronal reconstructions», *Journal of neuroscience methods*, vol. 186, n.º 2, págs. 209-214, 2010.
- [55] Thermo Fisher Scientific, *Amira Software (versión 2024.2)*, <https://www.thermofisher.com/es/es/home/electron-microscopy/products/software-em-3d-vis/amira-software.html>, RRID: SCR_007353, 2024.
- [56] Oxford Instruments, *Imaris Software (versión 10.2)*, <https://imaris.oxinst.com/>, RRID: SCR_007370, 2024.
- [57] J. Schindelin, I. Arganda-Carreras, E. Frise et al., «Fiji: an open-source platform for biological-image analysis», *Nature methods*, vol. 9, n.º 7, págs. 676-682, 2012.
- [58] M. D. Abràmoff, P. J. Magalhães y S. J. Ram, «Image processing with ImageJ», *Biophotonics international*, vol. 11, n.º 7, págs. 36-42, 2004.
- [59] Biomedical Imaging Group, *OrientationJ: a plugin for ImageJ to quantify local orientation and anisotropy*, <https://github.com/Biomedical-Imaging-Group/OrientationJ>, Disponible en GitHub, 2024.
- [60] Centro E. Piaggio, *NEMO: Neuron Morphology Reconstruction and Analysis*, <https://github.com/CentroEPiaggio/NEMO>, Disponible en GitHub, 2024.

-
- [61] M. Ingeniero, *Requerimientos Funcionales y No Funcionales - Ingeniería de Software*, <https://mundo-ingeniero.com/requerimientos-funcionales-y-no-funcionales-ingenieria-de-software/>, 2023.
- [62] V. Solutions, *Requisitos no funcionales: tipos, ejemplos y enfoques*, <https://visuresolutions.com/es/gu%C3%ADa-de-trazabilidad-de-gesti%C3%B3n-de-requisitos/requerimientos-no-funcionales/>, 2022.
- [63] TIOBE Software, *TIOBE Index for May 2024*, <https://www.tiobe.com/tiobe-index/>, jun. de 2022.
- [64] A. Martelli, A. M. Ravenscroft, S. Holden y P. McGuire, «Python in a Nutshell», en .O'Reilly Media, Inc.", 2023, cap. 1, pág. 3.
- [65] C. R. Harris, K. J. Millman, S. J. Van Der Walt et al., «Array programming with NumPy», *Nature*, vol. 585, n.º 7825, págs. 357-362, 2020.
- [66] F. Pedregosa, G. Varoquaux, A. Gramfort et al., «Scikit-learn: Machine learning in Python», *the Journal of machine Learning research*, vol. 12, págs. 2825-2830, 2011.
- [67] Plotly Technologies Inc., *Plotly Python Graphing Library*, <https://plotly.com/python/>, Disponible en línea, 2024.
- [68] A. Schroeder, C. Mayer y A. M. Ward, *The book of Dash: build dashboards with Python and Plotly*. No Starch Press, 2022.

Anexos

GONZALO ALGABA DESVIAT

Estudio_Cuantitativo_de_la_Dirección_de_las_Fibras__Nerv...

-  Turnitin Memoria Final
-  TFG ETSIINF (Moodle PP)
-  Universidad Politecnica de Madrid

Detalles del documento

Identificador de la entrega

trn:oid:::1:3268757571

Fecha de entrega

4 jun 2025, 10:40 p.m. GMT+2

Fecha de descarga

4 jun 2025, 10:46 p.m. GMT+2

Nombre de archivo

23107_GONZALO_ALGABA_DESVIAT_Estudio_Cuantitativo_de_la_Dirección_de_las_Fibras_Nervios....pdf

Tamaño de archivo

3.3 MB

79 Páginas

23.522 Palabras

133.442 Caracteres

7% Overall Similarity

The combined total of all matches, including overlapping sources, for each database.




Filtered from the Report

- ▶ Bibliography
- ▶ Quoted Text

Exclusions

- ▶ 1 Excluded Source

Top Sources

- 0%  Internet sources
- 0%  Publications
- 7%  Submitted works (Student Papers)

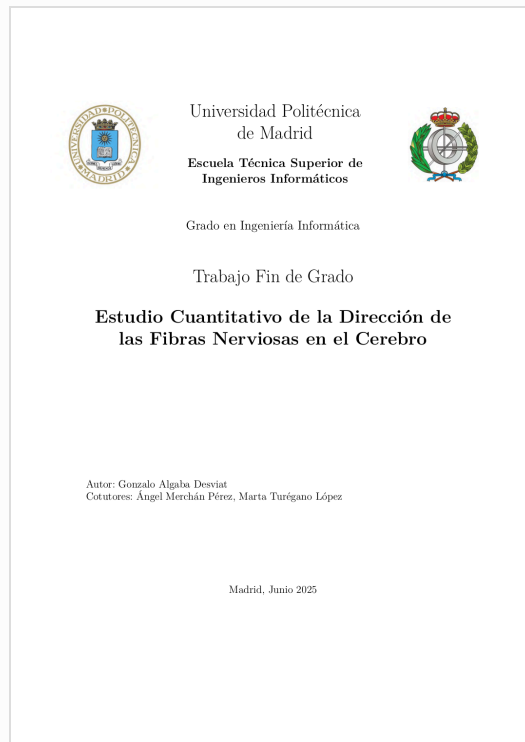


Recibo digital


Este recibo confirma que su trabajo ha sido recibido por **Turnitin**. A continuación podrá ver la información del recibo con respecto a su entrega.

La primera página de tus entregas se muestra abajo.

Autor de la entrega: GONZALO ALGABA DESVIAT
Título del ejercicio: Turnitin Memoria Final
Título de la entrega: Estudio_Cuantitativo_de_la_Dirección_de_las_Fibras__Nerviosa...
Nombre del archivo: 23107_GONZALO_ALGABA_DESVIAT_Estudio_Cuantitativo_de_l...
Tamaño del archivo: 3.28M
Total páginas: 79
Total de palabras: 23,522
Total de caracteres: 133,442
Fecha de entrega: 04-jun.-2025 10:40p. m. (UTC+0200)
Identificador de la entrega: 2692248218



Este documento esta firmado por

	Firmante	CN=tfgm.fi.upm.es, OU=CCFI, O=ETS Ingenieros Informaticos - UPM, C=ES
	Fecha/Hora	Wed Jun 04 23:00:19 CEST 2025
	Emisor del Certificado	EMAILADDRESS=camanager@etsiinf.upm.es, CN=CA ETS Ingenieros Informaticos, O=ETS Ingenieros Informaticos - UPM, C=ES
	Numero de Serie	561
	Metodo	urn:adobe.com:Adobe.PPKLite:adbe.pkcs7.sha1 (Adobe Signature)