



UNIVERSIDAD TÉCNICA DEL NORTE
FACULTAD DE INGENIERÍA EN CIENCIAS APLICADAS
CARRERA DE INGENIERÍA EN MECATRÓNICA

TRABAJO DE GRADO PREVIO A LA OBTENCIÓN DEL
TÍTULO DE INGENIERO EN MECATRÓNICA

TEMA:

“PROGRAMA COMPUTACIONAL PARA EL DISEÑO
DEL MECANISMO DE LA ARTICULACIÓN DE RODILLA”

AUTOR: CRISTOPHER DAVID POSSO VERA

DIRECTOR: ING. DAVID ALBERTO OJEDA PEÑA, PHD.

CO - DIRECTOR: DR. RAÚL MANZANILLA MORILLO, PHD.

IBARRA-ECUADOR
2024



UNIVERSIDAD TÉCNICA DEL NORTE

BIBLIOTECA UNIVERSITARIA

AUTORIZACIÓN DE USO Y PUBLICACIÓN A FAVOR DE LA UNIVERSIDAD TÉCNICA DEL NORTE

1. IDENTIFICACIÓN DE LA OBRA

En cumplimiento del Art. 144 de la Ley de Educación Superior, hago la entrega del presente trabajo a la Universidad Técnica del Norte para que sea publicado en el Repositorio Digital Institucional, para lo cual pongo a disposición la siguiente información:

DATOS DE CONTACTO			
CÉDULA DE IDENTIDAD:	040179299-9		
APELLIDOS Y NOMBRES:	Posso Vera Cristopher David		
DIRECCIÓN:	Tulcán 1-95 y Segundo Moreno		
EMAIL:	cdpossov@utn.edu.ec		
TELÉFONO FIJO:	(06) 2546-873	TELÉFONO MÓVIL:	0989531439

DATOS DE LA OBRA	
TÍTULO:	Programa computacional para el diseño del mecanismo de la articulación de rodilla
AUTOR (ES):	Posso Vera Cristopher David
FECHA: DD/MM/AAAA	16/01/2024
SOLO PARA TRABAJOS DE GRADO	
PROGRAMA:	<input checked="" type="checkbox"/> PREGRADO <input type="checkbox"/> POSGRADO
TÍTULO POR EL QUE OPTA:	Ingeniero en Mecatrónica
ASESOR /DIRECTOR:	Ing. David Alberto Ojeda Peña, PhD.

2. CONSTANCIAS

El autor (es) manifiesta (n) que la obra objeto de la presente autorización es original y se la desarrolló, sin violar derechos de autor de terceros, por lo tanto, la obra es original y que es (son) el (los) titular (es) de los derechos patrimoniales, por lo que asume (n) la responsabilidad sobre el contenido de la misma y saldrá (n) en defensa de la Universidad en caso de reclamación por parte de terceros.

Ibarra, a los 16 días del mes de enero de 2024

EL AUTOR:

(Firma). 
Nombre: Posso Vera Cristopher David



Universidad Técnica del Norte

Facultad de Ingeniería en Ciencias Aplicadas

Declaración

El autor (es) manifiesta (n) que la obra objeto de la presente autorización es original y se desarrolló, sin violar derechos de autor de terceros, por lo tanto, la obra es original y que es (son) el (los) titular (es) de los derechos patrimoniales, por lo que asume (n) la responsabilidad sobre el contenido de la misma y saldrá (n) en defensa de la Universidad en caso de reclamación por parte de terceros.

Ibarra, a los 16 días del mes de enero de 2024

Cristopher David Posso Vera

C.I: 040179299-9



Universidad Técnica del Norte
Facultad de Ingeniería en Ciencias Aplicadas
Certificación del Director del Trabajo de Grado

En mi calidad de director del trabajo de grado “**Programa computacional para el diseño del mecanismo de la articulación de rodilla**”, presentado por el egresado **Posso Vera Cristopher David**, que opta por el título de Ingeniero en Mecatrónica, certifico haber revisado el presente informe final del trabajo de titulación, el mismo que se ajusta a las normas vigentes de la Unidad Académica de la Universidad Técnica del Norte; en consecuencia autorizo su presentación para los fines legales pertinentes.

Ibarra, 16 de enero de 2024

Ing. David Alberto Ojeda Peña, PhD.

Director de Tesis



Universidad Técnica del Norte
Facultad de Ingeniería en Ciencias Aplicadas
Aprobación del Comité Calificador

El Tribunal Examinador del trabajo de titulación “**Programa computacional para el diseño del mecanismo de la articulación de rodilla**”, elaborado por **Posso Vera Christopher David**, previo a la obtención del título de Ingeniero en Mecatrónica, aprueba el presente informe de investigación en nombre de la Universidad Técnica del Norte.

Ing. David Alberto Ojeda Peña, PhD.

Director de Tesis

Dr. Raúl Manzanilla Morillo, PhD.

Co - Director de Tesis

Dedicatorias

A través de este trabajo, deseo expresar mi gratitud a quienes han sido parte integral de mi camino académico y personal. Su presencia y apoyo me ha inspirado a alcanzar cada logro y superar cada obstáculo en este viaje. Con profunda gratitud, este éxito profesional está dedicado a aquellos cuyo amor, aliento y sacrificio han sido la fuerza motriz detrás de mis logros.

A mis queridos padres, quienes han sido mi roca inquebrantable y mi faro en medio de la tormenta. Su amor incondicional y su apoyo constante han sido el motor que impulsó cada paso en este camino. Nunca dejaron de creer en mí, guiándome con sabiduría en cada desafío que la vida me ha puesto. Los amo con toda mi alma y les dedico este logro que es también suyo.

A mis adoradas hermanas, cómplices de mi crecimiento y confidentes en cada instante. Su inquebrantable apoyo y cariño han sido un refugio en los momentos más difíciles. Gracias por estar siempre a mi lado, por el aliento y la complicidad que solo una hermana puede brindar. Este logro también lleva su huella y su amor incondicional.

A Alisson Pérez, quien ha sido un pilar fundamental en mi vida, en los momentos de triunfo y adversidad, su presencia y apoyo incondicional han sido un regalo invaluable. Su constante aliento y comprensión me han impulsado a seguir adelante y a superar obstáculos. Este logro, está dedicado a su inmensa bondad y lealtad. Gracias por ser esa luz en mi camino y por compartir esta travesía conmigo.

A mis familiares, quienes han sido el respaldo constante, cada uno de ustedes, han aportado con su valioso granito de arena para hacer posible este logro. Su presencia, consejos y apoyo han sido mi inspiración y fortaleza. Este logro lleva impreso la guía y el aliento de cada uno de ustedes.

Cristopher David

Agradecimientos

Agradezco de todo corazón a Dios, mi fuente inagotable de fortaleza y guía, por iluminar mi camino durante esta travesía académica. A la Universidad Técnica del Norte, por proporcionarme el entorno propicio para mi desarrollo profesional y personal.

Quisiera expresar mi profundo agradecimiento al Ing. David Ojeda, mi director de tesis, por su invaluable ayuda a lo largo de mi carrera y por la amistad sincera que compartimos. Mi reconocimiento especial al Dr. Raúl Manzanilla, mi asesor de tesis, por impartirme su valioso conocimiento, clave para el desarrollo exitoso de este proyecto.

A todos mis profesores, a lo largo de mi travesía universitaria, les expreso mi profundo agradecimiento. Cada uno de ustedes ha sido una fuente de conocimiento y sabiduría, guiándome en mi formación académica y brindándome las herramientas esenciales para convertirme en el profesional que soy hoy.

Agradezco también a mis compañeros y amigos, quienes han sido pilares inquebrantables en esta travesía universitaria. Su apoyo incondicional en los buenos y malos momentos.

Este logro es el resultado del esfuerzo conjunto y del respaldo constante de estas personas extraordinarias.

Cristopher David

Resumen

Este proyecto aborda la optimización del diseño de la articulación de rodilla a través de la implementación de algoritmos genéticos. La investigación se centra en la obtención estratégica de un programa computacional capaz de sintetizar los mecanismos de cuatro barras, destacando la importancia de la fundamentación matemática en el desarrollo del programa, específicamente en MATLAB, destinado a calcular el centro instantáneo de rotación (CIR), utilizando algoritmos genéticos perfectamente verificados en la literatura.

Mediante la aplicación de algoritmos genéticos, hemos logrado una eficiencia sin precedentes en la optimización de la articulación, permitiendo no solo un diseño más preciso, sino también una reducción significativa en los costos finales de producción. La validación del programa utilizando curvas del Centro Instantáneo de Rotación (CIR) de la rodilla ha demostrado su robustez y su capacidad para mejorar y simplificar el proceso de determinación de las longitudes de las barras que conformaran el mecanismo para el desarrollo correcto de la prótesis de rodilla policéntrica.

Este estudio va más allá de la mera aplicación técnica, fusionando de manera única la teoría matemática con la innovación práctica. Los resultados obtenidos sugieren no solo una mejora sustancial en la eficiencia del diseño de la articulación de rodilla, sino también una posible transformación en la accesibilidad de dispositivos médicos relacionados. Este proyecto representa un hito significativo en la intersección de la biomecánica y la computación, ofreciendo soluciones prácticas y económicas para el diseño de articulaciones, y promete dejar una marca duradera en el campo de la ingeniería biomédica.

Palabras clave: mecanismo, rodilla, policéntrica, computación, biomédica.

Abstract

This project addresses the optimization of knee joint design through the implementation of genetic algorithms. The research focuses on the strategic procurement of a computer program capable of synthesizing the four-bar mechanisms, highlighting the importance of the mathematical foundation in the development of the program, specifically in MATLAB, aimed at calculating the instantaneous center of rotation (CIR), using genetic algorithms perfectly verified in the literature.

By applying genetic algorithms, we have achieved unprecedented efficiency in the optimization of the joint, allowing not only a more accurate design, but also a significant reduction in final production costs. The validation of the program using curves of the Instantaneous Center of Rotation (ICR) of the knee has demonstrated its robustness and its ability to improve and simplify the process of determining the lengths of the rods that will form the mechanism for the correct development of the polycentric knee prosthesis.

This study goes beyond mere technical application, uniquely merging mathematical theory with practical innovation. The results obtained suggest not only a substantial improvement in the efficiency of knee joint design, but also a possible transformation in the accessibility of related medical devices. This project represents a significant milestone at the intersection of biomechanics and computation, offering practical and cost-effective solutions for joint design, and promises to leave a lasting mark on the field of biomedical engineering.

Keywords: mechanism, knee, polycentric, computation, biomedical.

Índice general

Autorización favor de la Universidad Técnica del Norte	II
Declaración	III
Certificación del Director del Trabajo de Grado	IV
Aprobación del Comité Calificador	V
Dedicatorias	VI
Agradecimientos	VII
Resumen	VIII
Abstract	IX
Índice general	X
Lista de figuras	XIII
Lista de tablas	XV
Introducción	1
Problema	1
Objetivos	1
Objetivo general	2
Objetivos específicos	2

Justificación	2
Alcance	2
1. Revisión Literaria	4
1.1. Antecedentes	4
1.2. Marco Teórico	7
1.2.1. Programas Computacionales	7
1.2.1.1. Diseño de programas computacionales	7
1.2.1.2. Programas computacionales para el diseño de mecanismos articulares	8
1.2.2. Anatomía de la articulación de rodilla	9
1.2.2.1. Componentes Óseos	10
1.2.2.2. Componentes articulares	11
1.2.2.3. Componentes blandos	12
1.2.3. Biomecánica de la rodilla	15
1.2.4. Mecanismos de la articulación de rodilla	18
1.2.5. Algoritmo Genético	22
1.2.5.1. Funcionamiento del algoritmo genético	23
1.2.5.2. Parámetros que controlan el desempeño del algoritmo genético	24
2. Metodología	29
2.1. Modelo de investigación	30
2.2. Materiales y Equipos	30
2.3. Estructura de la investigación	31
2.3.1. Fase 1: Selección del lenguaje de programación que permita implementar los algoritmos genéticos.	31
2.3.2. Fase 2: Desarrollo del programa computacional tomando en consideración la fundamentación matemática para la síntesis de mecanismos de cuatro barras.	31
2.3.3. Fase 3: Validación del programa computacional a través de curvas de movimiento de CIR (Centro Instantáneo de Rotación) conocidas.	32

3. Resultados y Análisis	33
3.1. Selección del lenguaje de programación que permita implementar los algoritmos genéticos	33
3.2. Desarrollo del programa computacional tomando en consideración la fundamentación matemática para la síntesis de mecanismos de cuatro barras	35
3.3. Validación del programa computacional a través de curvas de movimiento de CIR (Centro Instantáneo de Rotación) conocidas	41
4. Conclusiones y recomendaciones	47
4.1. Conclusiones	47
4.2. Recomendaciones	48
Anexo	55

Índice de figuras

1.1. Esquema de la articulación de la rodilla. (imagen modificada)	9
1.2. La estructura ósea de la articulación tibiofemoral.	12
1.3. Los componentes blandos de la articulación de la rodilla.	13
1.4. Ligamentos de la articulación de rodilla.	14
1.5. Diagrama que muestra los movimientos de la rodilla con seis grados de libertad.	15
1.6. Flexión activa y pasiva de la rodilla.	17
1.7. Mecanismo de cuatro barras para obtener relación usando método analítico.	18
1.8. a: Los dos ligamentos cruzados guían el giro femoral hacia atrás en flexión. LCP: ligamento cruzado posterior, LCA: ligamento cruzado anterior. b: Enlace de cuatro barras formado por la distancia fija entre las fijaciones femorales de los ligamentos cruzados (a, F), el ligamento cruzado anterior (b, LCA), el ligamento cruzado posterior (c, LCP), las fijaciones tibiales de los ligamentos cruzados (d, T). El centro de rotación instantáneo se desplaza hacia atrás al aumentar la flexión, lo que permite el retroceso posterior.	20
1.9. A: Configuración general del mecanismo, ángulo de entrada del mecanismo (θ_3) para un ángulo de flexión de rodilla de 0° . B: ángulo de entrada del mecanismo (θ_3) para un ángulo de flexión de rodilla mayor a 0° . C: Representación geométrica del mecanismo.	21
1.10. Determinantes del tamaño de la población.	25
1.11. Probabilidad de cruce o recombinación.	26
1.12. Probabilidad de la mutación.	26
1.13. Número de generaciones.	27
2.1. Flujograma de las fases del proceso de ejecución del proyecto.	29

3.1. Diagrama de flujo del algoritmo genético.	35
3.2. Declaración de la población inicial y sus restricciones.	38
3.3. Diagrama de flujo para el cruce de los individuos y con ello obtener una población para la mutación.	39
3.4. Diagrama de flujo para realizar la mutación y la selección de la solución óptima para el problema planteado.	40
3.5. Diagrama de flujo de programa capaz de obtener un CIR ideal	42
3.6. CIR ideal con sus respectivos puntos.	43
3.7. Curva del CIR generada por el software que se está validando.	44
3.8. Desfase entre la curva del CIR ideal y la curva del CIR generada (Zoom 180 %).	45

Índice de tablas

3.1. Delimitación dimensional de cada parámetro del mecanismo	41
3.2. Comparación entre las dimensiones ideales y las generadas de los eslabones y ángulos con un porcentaje de error del 0.9011 %.	46

Introducción

Problema

A lo largo de los años, existen diversos problemas sociales que se presentan todos los días en nuestra sociedad, uno de ellos es la alta tasa de amputación de miembros inferiores, asociado a diferentes causas como accidentes laborales o de tráfico, enfermedades congénitas o adquiridas [1]. Independientemente de las causas, la calidad de vida de estas personas se ve afectada debido al alto costo que conlleva adquirir las prótesis para miembros inferiores y que, incluso si se las puede adquirir, algunas no se adaptan a su cuerpo y en vez de obtener beneficios, obtienen perjuicios para su salud [2].

La situación actual del país, en especial la parte económica ha sido un gran problema para la sociedad y en particular para las personas que han sufrido una amputación, pues el alto costo de las prótesis limita el acceso a las mismas [3]. Esta situación pone en evidencia la necesidad de desarrollar métodos de optimización de tiempo, mano de obra y materia prima, para disminuir los costos de producción y satisfacer las necesidades de las personas que las utilizaran, para que así puedan llegar al mercado con precios más accesibles a la economía familiar.

Por ello, el programa computacional que se propone, ayudará a las personas que hayan sufrido estas amputaciones o tengan esta discapacidad desde su nacimiento, a que puedan tener una prótesis de rodilla policéntrica basada en un mecanismo de 4 barras acorde a ellos, puesto que se utilizará la información del CIR (Centro Instantáneo de Rotación) de la rodilla que el paciente todavía conserva, para obtener una prótesis personalizada que contribuirá en mejorar la calidad de vida de las personas y tengan una inserción social y laboral.

Objetivos

Objetivo general

Desarrollar un programa computacional para el diseño del mecanismo de la articulación de rodilla a partir de la curva del CIR.

Objetivos específicos

- Seleccionar el lenguaje de programación que permita implementar los algoritmos genéticos.
- Desarrollar el programa computacional tomando en consideración la fundamentación matemática para la síntesis de mecanismos de cuatro barras.
- Validar el programa computacional a través de curvas de movimiento de CIR (Centro Instantáneo de Rotación) conocidas.

Justificación

En el ámbito productivo se busca mejorar la eficiencia y la efectividad en la forma en que se realizan las tareas y actividades en un entorno de trabajo. La optimización del trabajo puede tener beneficios, como un aumento de la productividad, reducción de costos, mejora de la calidad del producto, La optimización del trabajo puede tener ganancias, como aumento de la productividad, reducción de costos, mejora de la calidad del producto final y mayor satisfacción al cliente.

En el ámbito económico presenta un impacto significativo, puesto que, esta optimización no solo mejora la eficiencia en la producción, sino que también optimiza el uso de recursos, potencialmente reduciendo los costos asociados. Esto se traduce en un diseño más eficiente y, en una reducción significativa de los costos para el cliente final, haciendo que las prótesis sean más accesibles y a un precio más asequible.

Alcance

Se desarrollará un programa computacional en el que se podrá obtener las longitudes de los eslabones del mecanismo de 4 barras para el diseño de una prótesis de rodilla policéntrica mediante algoritmos genéticos.

Los datos necesarios para el programa es un CIR (Centro Instantáneo de Rotación) de la rodilla dada en puntos, la cual se obtendrá de una persona que tenga una amputación transfemoral unilateral de la extremidad inferior, pues este método no servirá para una persona con una amputación transfemoral bilateral, es decir, el paciente debe de tener el miembro inferior contra lateral completo para en él obtener los datos del CIR y poder generar la prótesis personalizada para el paciente.

Capítulo 1

Revisión Literaria

1.1. Antecedentes

Para la realización del presente proyecto de grado, se tomó como precedente aquellos trabajos de investigación y grado con temática similar, mismos que se ven representados a continuación:

El trabajo de titulación escrito por Pintado y Vintimilla, en 2020 [4], cuyo objetivo principal fue desarrollar un prototipo funcional y de bajo costo que pudiera ayudar a desarrollar las actividades diarias de los amputados, considerando la funcionalidad y la estabilidad del mecanismo y para ello se realizaron estudios previos para comprender la funcionalidad de la rodilla y determinar un mecanismo óptimo para el diseño. Utilizando software como SolidWorks y MATLAB, se diseñó un mecanismo de cuatro barras de control voluntario específicamente para amputados con un nivel de actividad K3 (Se refiere a un nivel moderado de actividad física. Pueden estar involucradas en actividades recreativas y deportivas de intensidad moderada.). Mecanismo el cual cumplió con los criterios de estabilidad y funcionalidad requeridos.

En el artículo realizado por Merchán y otros, en 2011 [5], en el cual se plantea un problema que debe resolverse utilizando técnicas de computación evolutiva. Esto se debe a que representa un sistema indeterminado de ecuaciones no lineales cuya dimensión depende directamente del número de puntos de precisión definidos para describir la trayectoria deseada, por ello este artículo describe la optimización del proceso de síntesis de mecanismos basado en algoritmos genéticos para el caso de un mecanismo plano de 6 barras en forma de Watt utilizado como base para el diseño de prótesis multicéntricas de rodilla. La

trayectoria deseada descrita por el acoplador corresponde a la trayectoria descrita por la rodilla durante un ciclo de marcha normal. La metodología propuesta muestra claramente cómo las trayectorias generadas evolucionan naturalmente desde soluciones irregulares hasta curvas que se ajustan perfectamente a las trayectorias deseadas mediante la aplicación de algoritmos genéticos.

El artículo desarrollado por Lugo y otros, en 2009 [6], tiene como objetivo encontrar las dimensiones óptimas de la conexión para minimizar el error entre la curva real del acoplador y la trayectoria deseada, por ello está basado en algoritmos genéticos para la síntesis dimensional de mecanismos planos como generadores de trayectorias. En el estudio, se aborda el desarrollo de un enlace de 4 barras con aplicación en prótesis de extremidades inferiores, específicamente de la articulación de rodilla. EL algoritmo de optimización contiene una función objetivo definida por un problema de composición y una expresión de un conjunto de relaciones matemáticas que describen las restricciones cinemáticas de un mecanismo plano. La función objetivo puede manipularse para minimizar el error entre los puntos de interés y los puntos generados. Depende de la longitud del enlace, ángulo de transmisión, condiciones de Grashof, tipo de mecanismo, etc. La población, el cruce o la mutación determina la precisión de los resultados.

En la siguiente investigación realizada por Flórez y otros, en 2022 [7], se presenta la simulación de un mecanismo de cuatro barras con la implementación de coordenadas naturales como un método alternativo y eficaz para el análisis cinemático, por ello se desarrolla un método general para la síntesis óptima de mecanismos para prótesis de miembro inferior mediante la implementación de herramientas, como los algoritmos genéticos, con el propósito de reducir los tiempos de estudio. A través de estudios biomecánicos de marcha, se obtiene el CIR de la articulación de la rodilla, con lo cual se desarrolla un modelo protésico, cuyo comportamiento mecánico estructural se estudia en condiciones de uso mediante el método de elementos finitos. Finalmente, se evidencia que el modelo de prótesis cumple con los requisitos cinemáticos y es estructuralmente funcional bajo cargas estáticas y dinámicas que superan los valores nominales de las cargas reales.

En el presente trabajo, realizado por Soriano y otros, en 2020 [8], se compara y se define los parámetros de diseño así como un método de optimización en cuanto a su estabilidad y control voluntario para obtener un nuevo mecanismo. En este trabajo, se desarrolla un método para comparar el rendimiento de los mecanismos de rodilla policéntrica y se diseña un mecanismo estable y novedoso de cuatro barras con una configuración de control voluntario. Se definen los parámetros de diseño para la optimización de un

mecanismo de rodilla estable con control voluntario, se presenta un nuevo diseño dimensional que puede ser funcional para usuarios transfemorales con diferentes características antropométricas y se contribuye con un método simple para obtener un mecanismo con un dimensionamiento óptimo. Se propone una nueva configuración mecánica optimizada para asegurar el control voluntario y una trayectoria estable del mecanismo de la rodilla. Con este método es posible comparar y diseñar mecanismos personalizados.

Hernandez y otros, en 2012 [9], describe la optimización del diseño del mecanismo de 4 barras para una prótesis hiper-estabilizada de miembro inferior. En este caso, para lograr una marcha normal, la trayectoria del centro de rotación instantáneo (CIR) de la rodilla debe reproducirse durante la marcha. Por ello, se realiza un análisis mecánico para determinar los requerimientos de estabilidad del paciente para este tipo de prótesis mediante algoritmos genéticos. Esto determina las dimensiones y la forma del mecanismo. En cuanto a la evaluación numérica, el método propuesto tiene en cuenta el nivel de actividad del paciente y las características antropométricas. De manera similar, varias restricciones de torsión en la rodilla normal se incorporan a las restricciones cinemáticas y de evaluación. Minimizar la función objetivo garantiza la convergencia a una solución. Esto se debe a que reduce el error entre la trayectoria del poloide generado durante la marcha normal y la trayectoria propuesta que debería seguir el CIR. Así se obtiene una prótesis personalizada. Con esta experiencia, se desarrolla un prototipo correspondiente.

Finalmente, se desarrolla el siguiente trabajo por Camino, en 2017 [10], utilizando el método de algoritmos genéticos, para el diseño del mecanismo de cuatro barras. Para dicho mecanismo, se tiene en cuenta el movimiento, los desplazamientos y después los rangos mínimos y máximos en los que se desplaza cada eslabón para generar movimiento, el desarrollo de este Algoritmo Genético se logró gracias a un programa codificado en software MATLAB para ello se generó una población de 10000 individuos aleatoriamente bajo el sistema binario después se decodificó en base al rango de cada variable de los eslabones ángulo de entrada. Al final el método de Optimización de síntesis por Algoritmos Genéticos nos permitió encontrar las longitudes de los cuatro eslabones y la generación de 5 puntos prescritos para la curva elíptica.

1.2. Marco Teórico

1.2.1. Programas Computacionales

En la actualidad, los programas computacionales han revolucionado la forma en que interactuamos con la tecnología y han tenido un impacto profundo en todos los aspectos de nuestra sociedad, tales programas son conjuntos de instrucciones lógicas y algoritmos diseñados para realizar tareas específicas en un entorno computacional, ya que desde simples aplicaciones móviles hasta complejos sistemas de inteligencia artificial, los programas computacionales son la columna vertebral de la era digital [11].

Actualmente, la influencia de los programas computacionales, se ha extendido a múltiples aspectos de la sociedad, como en el ámbito empresarial, en el cual dichos programas se utilizan para mejorar la eficiencia operativa, automatizar procesos y facilitar la toma de decisiones basada en datos. En el ámbito educacional, en donde los programas se emplean como herramientas de aprendizaje interactivas y recursos educativos en línea. Y también en el sector de la salud, mismo en el cual dichos programas son utilizados para el diagnóstico médico, el seguimiento de pacientes y la investigación científica. A través de la programación, los desarrolladores crean programas que permiten a las computadoras realizar una amplia gama de funciones, desde cálculos matemáticos hasta procesamiento de datos, visualización gráfica, comunicación en red y mucho más. Todos estos programas son escritos en lenguajes de programación que siguen una sintaxis y una estructura definida, y luego son traducidos a un código ejecutable por la computadora [12].

1.2.1.1. Diseño de programas computacionales

El diseño de programas computacionales es un proceso creativo y estructurado que implica la planificación, implementación y la optimización de un conjunto de instrucciones lógicas destinadas a resolver un problema o realizar una tarea específica en un entorno computacional. Tal diseño puede ser tomado como un campo multidisciplinario que combina principios de la ciencia de la computación, la ingeniería de software y el diseño de interfaces de usuario [13].

Además de los múltiples campos que ya abarca el diseño de programas computacionales, este se encuentra íntegramente focalizado, en brindar a sus futuros usuarios la mejor experiencia posible mediante la creación de programas intuitivos, eficientes y funcionales. Todo esto teniendo en cuenta que el

diseño de dichos programas se centra en entender las necesidades y expectativas de los usuarios, para así desarrollar interfaces amigables y fáciles de usar. Todo diseño de programas computacionales implica la consideración de diferentes plataformas y dispositivos, ya que los programas computacionales se ejecutan en una variedad de entornos, desde computadoras de escritorio hasta dispositivos móviles y sistemas embebidos. Esto para garantizar la compatibilidad y adaptabilidad del programa a estos diferentes entornos [11].

Al momento de diseñar o elaborar un programa computacional, se deben tener en cuenta los objetivos, requisitos, enfoques algorítmicos, modularidad, interfaz de usuario y la seguridad que se plantea que dicho programa posee. Puesto que al tener en cuenta dichos estos aspectos, los desarrolladores pueden crear programas eficientes, funcionales y amigables con los usuarios, brindándoles la mejor experiencia que sea posible.

1.2.1.2. Programas computacionales para el diseño de mecanismos articulares

Son herramientas poderosas que permiten a los ingenieros y diseñadores simular y visualizar de manera precisa y detallada el funcionamiento de dicha articulación. Estos programas facilitan la creación de modelos virtuales que ayudan a optimizar el diseño, identificar posibles problemas y mejorar la eficiencia y seguridad de los mecanismos articulares [14].

Además de la simulación y visualización, los programas computacionales para el diseño del mecanismo de la articulación también pueden ofrecer herramientas de análisis y optimización, tales herramientas permiten a los ingenieros realizar cálculos precisos, estudiar la cinemática y dinámica del movimiento, e incluso realizar pruebas virtuales de resistencia y fatiga. Al aprovechar estas capacidades, los diseñadores pueden iterar rápidamente en el diseño, realizar ajustes y mejoras, y lograr un mecanismo de articulación más eficiente y seguro. Dichos programas brindan a los profesionales de la ingeniería biomecánica la capacidad de realizar análisis de carga, estudiar la cinemática y dinámica del movimiento, así como evaluar la resistencia y durabilidad de los componentes articulares. Estas herramientas permiten una mejor comprensión del comportamiento del mecanismo de la articulación, lo que a su vez contribuye al desarrollo de soluciones más eficientes y adaptadas a las necesidades específicas de cada paciente o aplicación [15].

Por lo tanto, los programas computacionales para el diseño de mecanismos articulares son herramientas esenciales en el campo de la ingeniería biomecánica, ya que su capacidad para simular, visualizar y

analizar el funcionamiento de la articulación permite a los ingenieros y diseñadores optimizar el diseño, mejorar la eficiencia y seguridad de los mismos, y contribuir al desarrollo de soluciones más avanzadas y adaptadas a las necesidades específicas de los pacientes o aplicaciones.

1.2.2. Anatomía de la articulación de rodilla

En anatomía, la rodilla es una articulación uniaxial pero posee una rotación conjunta en el momento en que la rodilla está llegando a su máxima extensión. La rodilla es una articulación compleja del miembro inferior [16] que conecta el muslo con la pierna y es donde se unen tres huesos: el fémur, la tibia y la rótula (patela). Su anatomía se rige por su capacidad para realizar movimientos anteroposteriores de flexión y extensión, aun cuando sus superficies articulares permiten la movilidad en otras direcciones [17].

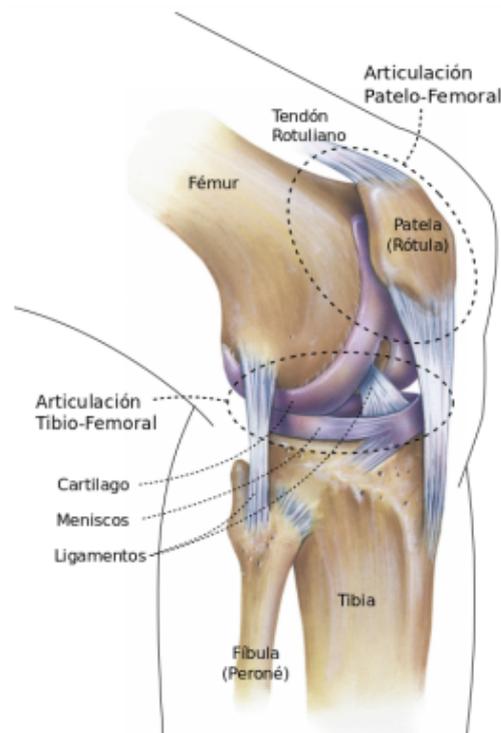


Figura 1.1: Esquema de la articulación de la rodilla. (imagen modificada) [18]

Además, la rodilla actúa como una bisagra que facilita el cambio de dirección y la distribución de fuerzas a lo largo del miembro inferior, ya que a través de su compleja estructura y la interacción de

varios elementos anatómicos, como los huesos, los ligamentos, los tendones y los cartílagos, la rodilla cumple un papel fundamental en la locomoción humana [14] como se observa en la Figura 1.1 para proporcionar estabilidad y movilidad son cruciales para actividades cotidianas como caminar, correr y saltar, así como para el desempeño en deportes y actividades físicas. Toda rodilla se encuentra conformada de las siguientes partes:

1.2.2.1. Componentes Óseos

Los componentes óseos de la rodilla incluyen el fémur, la tibia y la rótula. A continuación se dará a conocer cada uno de ellos:

- **Fémur:** Es el hueso más largo del esqueleto humano, tiene grandes componentes musculares sobre él, se conecta en su región superior con la cadera [19]. Alberga los músculos que se insertan en él, como aquellos pertenecientes al muslo, los cuádriceps y los isquiotibiales, dichos músculos se adhieren al fémur y trabajan en conjunto para permitir la flexión, extensión y rotación de la rodilla, generando la fuerza-resistencia necesaria para caminar, correr, saltar y realizar otras actividades físicas, su función es el movimiento y la estabilidad de la rodilla.
- **Tibia:** Es uno de los huesos principales de la pierna, pero en su parte superior ayuda a conformar la articulación de la rodilla. Está encargado de transmitir la fuerza desde la articulación hasta el tobillo y soportar gran parte del peso corporal. En el extremo superior contiene los platillos tibiales, interno y externo, los cuales sirven de apoyo a los cóndilos femorales. La tibia en conjunto con el peroné forma una articulación que interviene en los movimientos de deslizamiento [20].

Esta desempeña un papel esencial en la locomoción y la estabilidad de la pierna, aunado al hecho de que la tibia es fundamental en la distribución del peso corporal y la absorción de impactos durante actividades como caminar, correr y saltar.

- **Rótula:** Generalmente ovoide, pequeño y cubierto casi en su totalidad por los tendones, con una superficie libre que forma la articulación de la rodilla. Siendo pequeña de tamaño cumple funciones importantes principalmente en el mecanismo extensor por medio del músculo cuádriceps y brinda estabilidad a la rodilla. Está formada de dos caras; su cara anterior sirve para la inserción de los

tendones del cuádriceps y rotuliano, en cambio su cara posterior se pone en contacto con los cóndilos del fémur [21].

Además de su función en el mecanismo extensor, ayuda a distribuir las fuerzas generadas durante la carga y el movimiento de la rodilla. Asimismo, proporciona un punto de apoyo para los tendones y ligamentos que rodean la articulación, contribuyendo a la estabilidad y evitando dislocaciones.

1.2.2.2. Componentes articulares

La rodilla es la articulación de tipo sinovial más grande del cuerpo humano y una de las más complejas. Desde un punto de vista funcional, debe combinar dos objetivos casi mutuamente excluyentes como son la estabilidad y resistencia al peso que tiene que soportar y la movilidad suficiente para trasladarlo. Desde un punto de vista estructural, es una troclear, constituida por dos articulaciones reunidas por una cápsula común [22] [23]:

- **Articulación femorotibial:** Es una articulación bincondílea, que soporta las cargas relacionadas a las actividades diarias del humano, se encuentra entre la zona distal del fémur y la zona proximal de la tibia. Los cóndilos medial y lateral de la tibia y el fémur se fusionan para formar dos articulaciones condíleas como se observa en la Figura 1.2. Estas articulaciones funcionan juntas principalmente como una articulación de bisagra modificada debido a las limitaciones de los ligamentos, con algunos movimientos laterales y de rotación permitida [24].

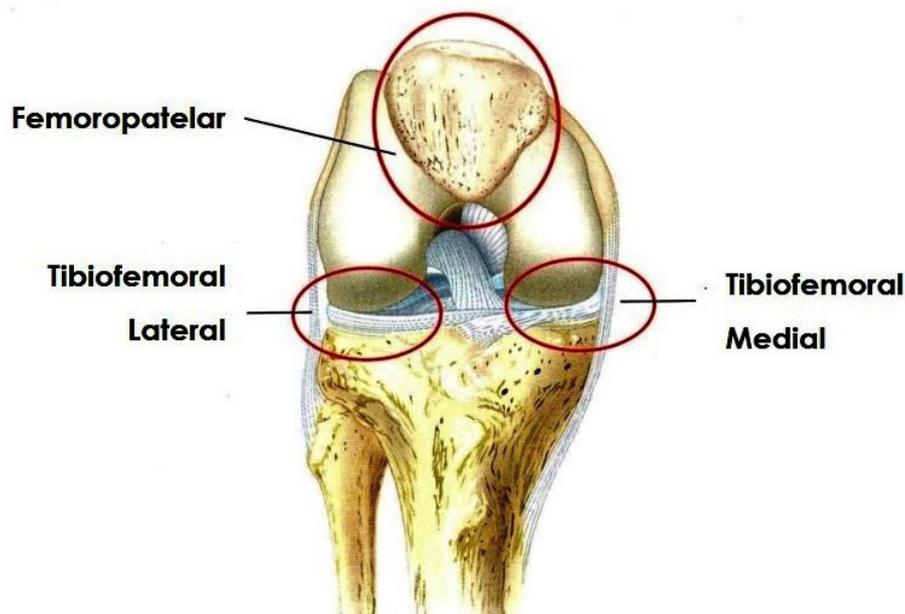


Figura 1.2: La estructura ósea de la articulación tibiofemoral. [25]

- **Articulación femoropatelar:** Es una articulación troclear que permite dirigir la tracción del músculo cuádriceps femoral en sentido anterior sobre la rodilla hasta la tibia, sin desgastar el tendón, esta articulación se encuentra entre la rótula y el fémur como se observa en la Figura 1.2.

1.2.2.3. Componentes blandos

La articulación de la rodilla está formada por varios componentes blandos necesarios para su funcionamiento. En primer lugar, el cartílago articular recubre las superficies óseas, proporcionando una superficie lisa y permitiendo un movimiento fluido. Los meniscos, discos de cartílago fibroso en forma de hoz, absorben los golpes y distribuyen la tensión dentro de la articulación. Finalmente, los ligamentos como el ligamento cruzado anterior y el ligamento cruzado posterior brindan estabilidad al limitar el movimiento excesivo. Estos componentes trabajan juntos para asegurar el correcto funcionamiento y movilidad de la articulación de la rodilla.

- **Cartílago Articular:** El cartílago articular está compuesto principalmente por células llamadas condrocitos, que se encuentran dispersas en una matriz extracelular compuesta principalmente por fibras de colágeno y proteoglicanos. Esta matriz le confiere al cartílago sus características de

resistencia a la compresión, elasticidad y baja fricción, lo que permite un movimiento suave y sin dolor en las articulaciones [14].

Su principal función es proporcionar una superficie lisa y lubricada como se observa en la Figura 1.3, que facilite el deslizamiento de los huesos durante el movimiento de las articulaciones, debido a que este actúa como un amortiguador, absorbiendo y distribuyendo las fuerzas generadas durante la carga y el impacto. Además, que este ayuda a reducir la fricción entre los huesos, evitando el desgaste prematuro y proporcionando una superficie de deslizamiento de baja fricción.

Sus propiedades biomecánicas únicas permiten un movimiento suave, una distribución adecuada de las cargas y una reducción de la fricción en las articulaciones. Sin embargo, su limitada capacidad de regeneración destaca la importancia de cuidar y proteger el cartílago articular a lo largo de la vida para mantener la salud y el funcionamiento óptimo de las articulaciones.

- **Meniscos:** Los meniscos, forman parte de la estructura cartilaginosa de la rodilla localizados en su parte interna, entre los cóndilos y platillos tibiales como se puede observar en la Figura 1.3. Por la elasticidad que presentan actúan como amortiguadores en el momento de la transmisión del peso. Existen dos tipos de meniscos el medial y el lateral que se diferencian tanto en forma y función. Siendo el más importante en el momento de soporte de carga el menisco medial [4].



Figura 1.3: Los componentes blandos de la articulación de la rodilla. [26]

Estos meniscos se adaptan a los movimientos de flexión y extensión de la rodilla, permitiendo un deslizamiento suave. Además, los meniscos ayudan a lubricar la articulación de la rodilla, reducir la fricción y facilitar el movimiento sin problemas.

■ **Ligamentos:** La rodilla es una articulación compleja que cuenta con cuatro ligamentos principales que brindan estabilidad y control del movimiento. Estos ligamentos son:

- **Ligamento Cruzado Anterior (LCA):** Ubicado en el medio de la articulación, el LCA evita que la tibia se mueva hacia adelante en relación con el fémur y brinda estabilidad rotacional.
- **Ligamento Cruzado Posterior (LCP):** Situado en la parte posterior de la rodilla, el LCP evita que la tibia se mueva hacia atrás en relación con el fémur y también contribuye a la estabilidad rotacional.
- **Ligamento Colateral Medial (LCM):** Se localiza en el interior de la rodilla, ayuda a prevenir el movimiento lateral excesivo y brinda estabilidad lateral.
- **Ligamento Colateral Lateral (LCL):** Se encuentra en la parte externa de la rodilla, el LCL es responsable de evitar el movimiento excesivo hacia el lado opuesto, contribuyendo también a la estabilidad lateral.

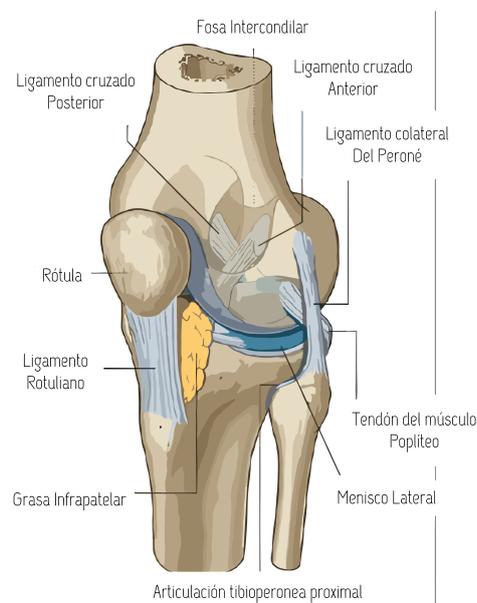


Figura 1.4: Ligamentos de la articulación de rodilla. [27]

Estos ligamentos, que se observan en la Figura 1.4, trabajan juntos para mantener la alineación adecuada de la rodilla y evitar lesiones por movimientos repentinos o desplazamientos incontrolados. Su función es fundamental para la integridad y el funcionamiento óptimo de la articulación de la rodilla.

1.2.3. Biomecánica de la rodilla

Desde el punto de vista mecánico, la rodilla representa una articulación sorprendente que puede considerarse una articulación que permite movimientos con seis grados de libertad como se observa en la Figura 1.5, que realiza dos funciones que pueden ser contradictorias, debido a que esta debe poseer gran estabilidad cuando se encuentra en extensión completa, pues en este punto es donde la rodilla soporta el peso del cuerpo, aunado al hecho de que también debe poseer movilidad en la flexión, puesto que durante la marcha debe proveer al pie una buena orientación [28].

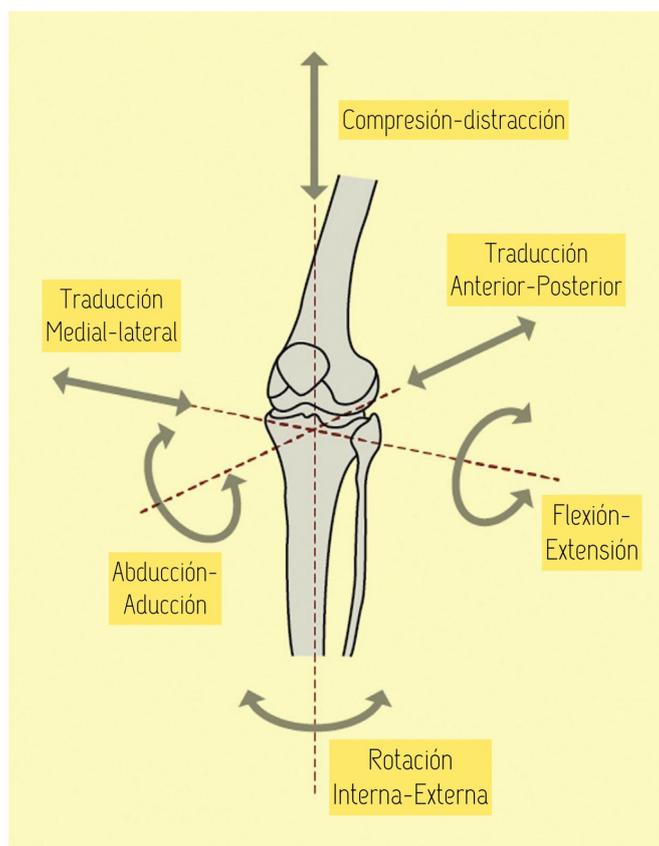


Figura 1.5: Diagrama que muestra los movimientos de la rodilla con seis grados de libertad. [29]

Uno de los aspectos principales de la biomecánica de la rodilla es el análisis de las fuerzas que actúan sobre ella durante las actividades diarias y deportivas. El análisis biomecánico ayuda a determinar cómo se distribuyen estas fuerzas en diferentes estructuras de la rodilla, como los meniscos, los ligamentos y el cartílago articular, así como también se estudian los efectos de factores como el ángulo de carga, la alineación de la rodilla y la fuerza muscular en la biomecánica de la rodilla.

La rodilla cuenta principalmente con un solo grado de libertad de movimiento, este es la flexión y extensión. Este movimiento permite regular a la rodilla la distancia de separación del cuerpo con el suelo, esto se consigue acercando o alejando el extremo de la pierna a la raíz de la misma, es decir, acercando o alejando el glúteo [19].

En base a lo anterior, se concluye que la biomecánica de la rodilla es esencial para comprender su función normal, evaluar lesiones y trastornos, y diseñar estrategias de tratamiento adecuadas, esto debido a que la distribución de fuerzas, los movimientos articulares y las cinemáticas asociadas son elementos clave en el análisis biomecánico de la rodilla. Los principales movimientos puestos a estudio por parte de la biomecánica de la rodilla son:

- **Flexión:** La flexión se compone de dos tipos, los cuales son: la flexión pasiva, la rodilla es capaz de desarrollar 160 grados, permitiendo el contacto entre talón y nalga. Esto sirve como comprobación de la libertad de flexión de la rodilla. En este movimiento la cara posterior de la pierna se acerca a la parte posterior del muslo. La flexión activa de rodilla alcanza los 140 grados, solamente si la cadera ya está en flexión, pero solo alcanza 120 grados si la cadera está en extensión así como se observa en la Figura 1.6 [22].

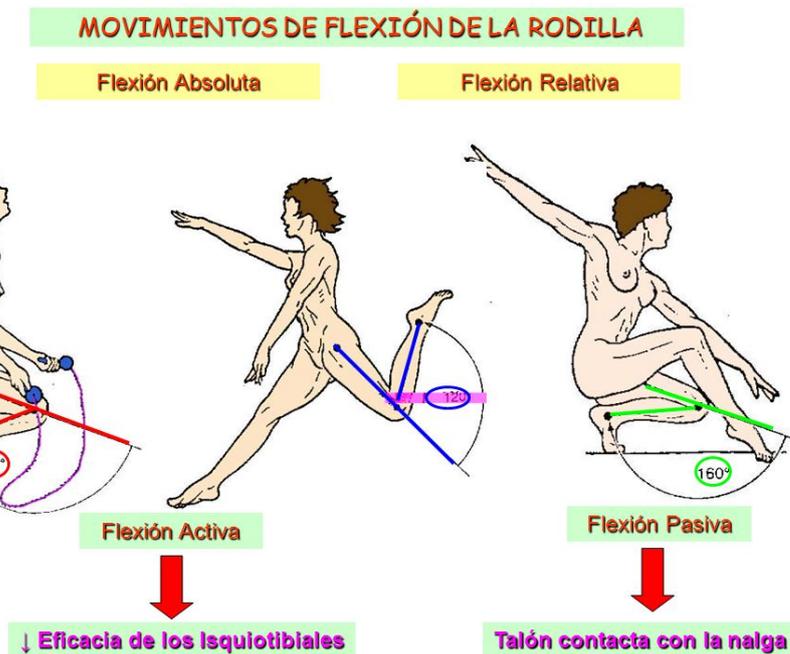


Figura 1.6: Flexión activa y pasiva de la rodilla. [30]

En términos biomecánicos, la flexión de la rodilla involucra la contracción y el acortamiento de los músculos flexores de la pierna, como el músculo cuádriceps en la parte frontal del muslo y los músculos isquiotibiales en la parte posterior del muslo, todo esto bajo el principal concepto de que dichos músculos son los encargados de generar la fuerza necesaria para doblar la rodilla y permitir la flexión.

- **Extensión:** Es a través de este movimiento que la cara posterior de la pierna se aleja del muslo; en realidad no existe una extensión absoluta de la pierna, por otra parte a partir de la máxima extensión se puede realizar un movimiento, de forma pasiva, de -5° a -10° llamada hiper-extensión [31].

En términos biomecánicos, la extensión de la rodilla es un movimiento fundamental que implica el enderezamiento de la pierna y el alejamiento de la flexión (durante todo este proceso se produce una contracción de los músculos extensores, como el cuádriceps femoral, que genera una fuerza hacia abajo en la parte superior de la pierna), dicho movimiento es posible gracias a la acción coordinada de varios componentes biomecánicos en la articulación de la rodilla.

- **Rotación:** Este movimiento solo ocurre durante la flexión y su eje de movimiento es el eje longitudinal de la rodilla. Esta rotación se puede medir cuando la rodilla se encuentra en flexión de 90 grados, con el individuo sentado en el borde de una silla con las piernas colgando. La rodilla tiene tanto rotación interna como externa [22].

En términos biomecánicos, la rotación de la rodilla es un aspecto fundamental que contribuye a su funcionalidad y estabilidad, la capacidad de la rodilla para realizar movimientos de rotación interna y externa desempeña un papel crucial en diversas actividades, como caminar, correr, cambiar de dirección y realizar movimientos deportivos. Cabe destacar, que este movimiento se produce gracias a la estructura anatómica de la articulación de la rodilla, incluidos los ligamentos, los músculos y los tejidos conectivos que la rodean.

1.2.4. Mecanismos de la articulación de rodilla

El mecanismo a utilizar en la articulación de rodilla, es un mecanismo de cuatro barras (eslabones) como se lo muestra en la Figura 1.7, donde se usa un método analítico como es la ecuación de Freudenstein que se muestra en la Ecuación 1.1, la cual, es una herramienta que se la emplea en la síntesis de mecanismos de cuatro barras. Esta ecuación se utiliza para determinar las dimensiones de los eslabones en un cuadrado articulado para establecer las relaciones entre sus longitudes y los ángulos que se forman entre ellos, con el objetivo de simular el movimiento de la rodilla [32].

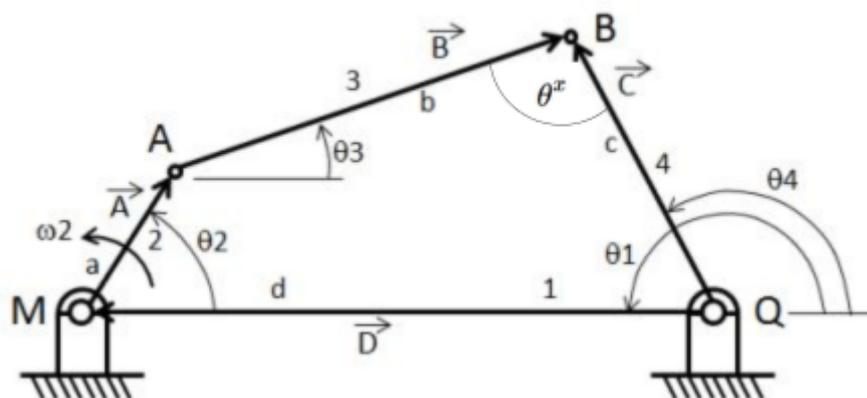


Figura 1.7: Mecanismo de cuatro barras para obtener relación usando método analítico. [32]

La expresión 1.1, se llama **ecuación de Freudenstein**:

$$k1 * \cos\theta_4 - k2 * \cos\theta_2 + k3 = \cos(\theta_2 - \theta_4) \quad (1.1)$$

Donde:

$$k1 = \frac{d}{a} \quad (1.2)$$

$$k2 = \frac{d}{c} \quad (1.3)$$

$$k3 = \frac{a^2 - b^2 + c^2 + d^2}{2ac} \quad (1.4)$$

En el caso de la persona con amputación transfemoral, esta estructura es seccionada, quedando el muñón o miembro residual sólo con parte de la musculatura disponible, por lo que en la práctica se han desarrollado prótesis externas con mecanismos monocéntricos y policéntricos para reemplazar la articulación de la rodilla; en una rodilla monocéntrica, la flexión-extensión se produce alrededor de un eje, mientras que en una rodilla policéntrica, el eje de la articulación se mueve según el ángulo de flexión-extensión de la rodilla, es decir, se produce CIR. En el caso de un mecanismo policéntrico de 4 barras como se observa en la Figura 1.8 (b), el CIR se ubica en la zona de extensión de las barras posterior y anterior, lo que le permite realizar simultáneamente movimientos de rotación y traslación durante la flexión [3].

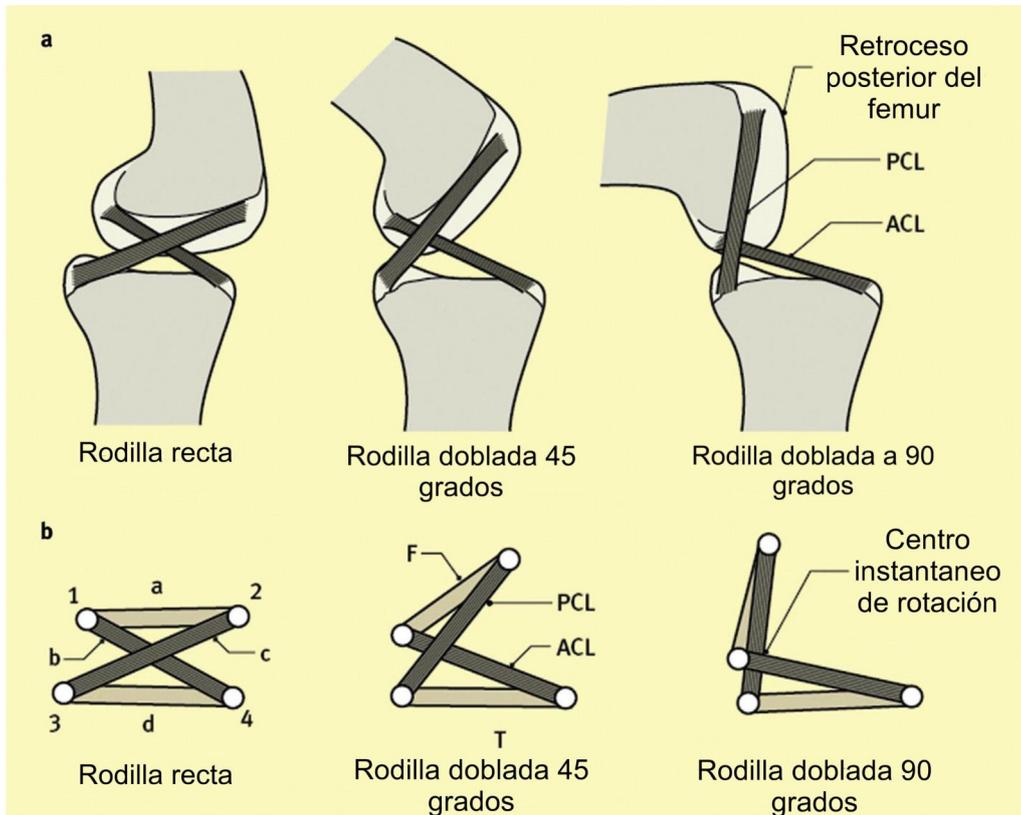


Figura 1.8: **a:** Los dos ligamentos cruzados guían el giro femoral hacia atrás en flexión. LCP: ligamento cruzado posterior, LCA: ligamento cruzado anterior. **b:** Enlace de cuatro barras formado por la distancia fija entre las fijaciones femorales de los ligamentos cruzados (a, F), el ligamento cruzado anterior (b, LCA), el ligamento cruzado posterior (c, LCP), las fijaciones tibiales de los ligamentos cruzados (d, T). El centro de rotación instantáneo se desplaza hacia atrás al aumentar la flexión, lo que permite el retroceso posterior.[29]

Para representar el mecanismo y su respectivo CIR, se ha trabajado con la configuración general del mecanismo mostrada en las Figuras 1.9 (A) y 1.9 (C). El mecanismo consta de cuatro eslabones: *a*, *b*, *c* y *d*, que se conectan de la siguiente manera: *a* con *b* a través del pin *A*, *b* con *c* a través del pin *B*, *c* con *d* a través del pin O_B y *d* con *a* a través del pin O_A como se muestra en la Figura 1.9 (C). Según Hobson y Torfason, en 1975 [33], se considera el eslabón *d* unido a la parte inferior de la pierna (tubo extensor de la prótesis hasta el pie), y estacionario a efectos de analizar la estabilidad del mecanismo, mientras que el eslabón *b*, unido al socket, se considera la entrada de movimiento al mecanismo, específicamente debido al cambio del ángulo de flexión de la rodilla.

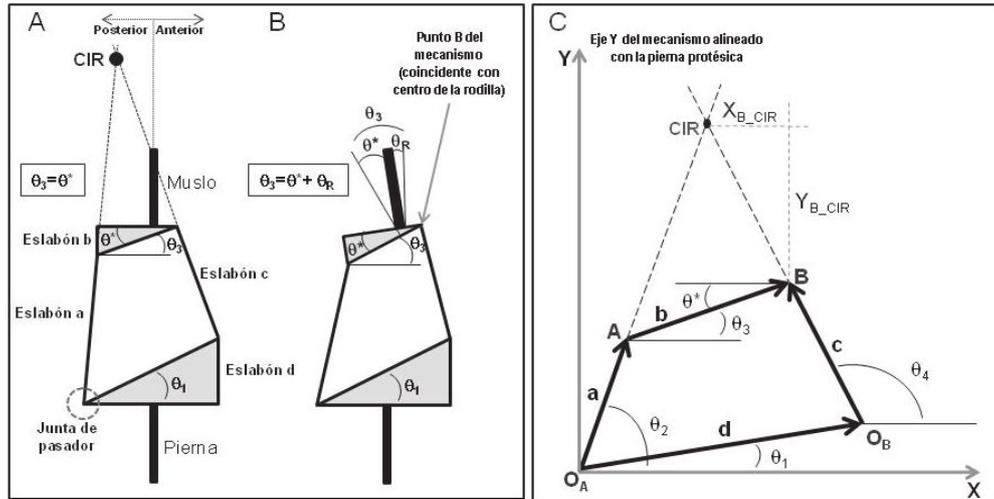


Figura 1.9: **A:** Configuración general del mecanismo, ángulo de entrada del mecanismo (θ_3) para un ángulo de flexión de rodilla de 0° . **B:** ángulo de entrada del mecanismo (θ_3) para un ángulo de flexión de rodilla mayor a 0° . **C:** Representación geométrica del mecanismo.[3]

El ángulo θ^* es un ángulo de diseño del eslabón b y es medido partiendo del punto articulado entre los eslabones c y b (pasador B). El ángulo θ_1 es un ángulo de diseño del eslabón d , el cual es medido partiendo del punto articulado entre los eslabones a y d (pasador O_A). El CIR se ubica en la intersección de las prolongaciones de los eslabones posterior y anterior, a y c , respectivamente, y su ubicación varía en función del ángulo de flexo-extensión de la rodilla. Así mismo, en las Figuras 1.9 A y 1.9 C se observa el ángulo θ_3 , que es una variable independiente debido a que está asociada al eslabón b y es la entrada del movimiento. Las siguientes ecuaciones sirven para obtener los ángulos θ_2 y θ_4 .

$$\theta_2 = 2 \tan^{-1} \left[\frac{-B \pm \sqrt{B^2 - 4AC}}{2A} \right] \quad (1.5)$$

Donde:

$$\mathbf{A} = \frac{(a^2 + b^2 - c^2 + d^2)}{(2ab)} + \frac{d}{b} * \cos\theta_1 - \frac{d}{a} * (\cos\theta_1 * \cos\theta_3 + \sin\theta_1 * \sin\theta_3) - \cos\theta_3 \quad (1.6)$$

$$\mathbf{B} = 2 * (\sin\theta_3 - d * \sin\theta_1) / b \quad (1.7)$$

$$\mathbf{C}=(a^2 + b^2 - c^2 + d^2)/(2ab) - d(\cos\theta_1 * \cos\theta_3 + \sin\theta_1 * \sin\theta_3)/a + \cos\theta_3 - d * \cos\theta_1/b \quad (1.8)$$

$$\theta_4 = 2\tan^{-1}\left[\frac{-E \pm \sqrt{E^2 - 4DF}}{2D}\right] \quad (1.9)$$

Donde:

$$\mathbf{D}=\frac{(b^2 - a^2 + c^2 + d^2)}{(2bc)} - \frac{d(\cos\theta_1 * \cos\theta_3 + \sin\theta_1 * \sin\theta_3)}{c} - \frac{d * \cos\theta_1}{b} + \cos\theta_3 \quad (1.10)$$

$$\mathbf{E}=2 * (d \times \sin\theta_1/b - \sin\theta_3) \quad (1.11)$$

$$\mathbf{F}=\frac{(b^2 - a^2 + c^2 + d^2)}{(2bc)} - \frac{d(\cos\theta_1 * \cos\theta_3 + \sin\theta_1 * \sin\theta_3)}{c} + \frac{d * \cos\theta_1}{b} - \cos\theta_3 \quad (1.12)$$

Finalmente se obtienen los valores desconocidos θ_2 y θ_4 a través de las Ecuaciones 1.5 y 1.9 , respectivamente. En este caso el origen del sistema de coordenadas se ubica en el punto (articulación) inferior-posterior del mecanismo (punto O_A) mostrado en la Figura 1.9C. Los ángulos θ_2 y θ_4 son los que forman respectivamente los eslabones a y c con la línea de referencia horizontal, ambos medidos en sentido anti- horario como se muestra en la Figura 1.9 C [3].

1.2.5. Algoritmo Genético

Los algoritmos genéticos son métodos adaptativos que pueden usarse para resolver problemas de búsqueda y optimización, dichos algoritmos se encuentran basados en el proceso genético de los organismos vivos. A lo largo de las generaciones, las poblaciones evolucionan en la naturaleza acorde con los principios de la selección natural y la supervivencia de los más fuertes, postulados por Darwin, por limitación de este proceso, los algoritmos genéticos son capaces de ir creando soluciones para problemas

del mundo real [34].

A diferencia de otros enfoques algorítmicos, los algoritmos genéticos pueden manejar una amplia gama de problemas en diversos campos como ingeniería, logística, diseño, y más, ya que para su aplicación e implementación no se requiere información específica sobre el dominio del problema, hecho el cual los hace especialmente útiles cuando se enfrentan a situaciones en las que el espacio de búsqueda es grande y no se dispone de métodos analíticos directos.

Los algoritmos genéticos empiezan con varias soluciones candidatas, estos analizan a las candidatas, la peor es excluida y las mejores se disponen y se reproducen, se combinan dos candidatas emparejadas de alguna forma para originar una nueva, si la descendencia heredó los aspectos positivos de sus progenitores, por lo tanto se convierte en un nuevo candidato de nueva generación para reproducirse, caso contrario si heredó los aspectos negativos de sus progenitores, esta será descartada [35].

Por lo tanto, los algoritmos genéticos son una poderosa herramienta de optimización y búsqueda, la cual se basa en los principios de la evolución biológica. Tanto su capacidad para explorar el espacio de búsqueda, seleccionar soluciones prometedoras y combinarlas para generar descendencia mejorada los convierte en una técnica eficaz para resolver problemas complejos del mundo real.

1.2.5.1. Funcionamiento del algoritmo genético

El algoritmo genético parte de una población inicial, con individuos, a los cuales se los codifica en 0 y 1, bits. Cada individuo es evaluado por la función objetivo, los individuos que cumplan con dicha función objetivo serán los más aptos, y son seleccionadas para intercambiar cromosomas con otros individuos aptos, generando nuevos individuos, con nueva información genética [34].

El intercambio de cromosomas hace alusión a un proceso fundamental en los algoritmos genéticos, en el cual se lleva a cabo una combinación de información genética entre dos individuos seleccionados para la reproducción. Dicho proceso, se basa en la analogía biológica de la recombinación genética que ocurre durante la reproducción sexual en los organismos vivos, proceso el cual tiene como objetivo principal aumentar la diversidad genética en la población.

Dentro del funcionamiento del algoritmo genético, el proceso de selección juega un papel fundamental, ya que esta se encarga de determinar qué individuos de la población actual serán elegidos para reproducirse y crear descendencia para la siguiente generación, ya que su objetivo principal es favorecer

la preservación de las características más aptas y prometedoras a lo largo del proceso evolutivo.

1.2.5.2. Parámetros que controlan el desempeño del algoritmo genético

Los parámetros que controlan el desempeño del algoritmo genético son elementos fundamentales para lograr resultados en la búsqueda y optimización de soluciones. Estos parámetros, como el tamaño de la población, la tasa de mutación, número de generaciones y la probabilidad de cruce o recombinación desempeñan un papel crucial en la eficiencia y efectividad del algoritmo genético [36].

Dentro de todo algoritmo genético, es sumamente importante tener en cuenta los parámetros que controlan su desempeño. Además, cabe mencionar que dichos parámetros actúan como guías y reguladores del proceso evolutivo, y su correcta configuración es esencial para obtener resultados óptimos en la búsqueda y optimización de soluciones, a la par que proveen soluciones a una gran amalgama de errores. A continuación, los parámetros de un algoritmo genético:

- **Tamaño de la población:** Este parámetro determina el número de individuos o soluciones presentes en cada generación del algoritmo, esto teniendo en cuenta que un tamaño de población adecuado es crucial para equilibrar la exploración del espacio de búsqueda y la convergencia hacia soluciones óptimas, por lo que existen determinantes que influyen en el tamaño de la población como se muestra en la Figura 1.10. Una población demasiado pequeña puede limitar la diversidad genética y reducir las posibilidades de encontrar soluciones globales óptimas [37].

Es importante tener en cuenta dicho parámetro, ya que este influye directamente en el desempeño y capacidad de los algoritmos genéticos al momento de encontrar soluciones óptimas, puesto que una población adecuadamente dimensionada permite un equilibrio entre la exploración y la explotación del espacio de búsqueda, a la par que facilita la convergencia hacia soluciones de alta calidad.

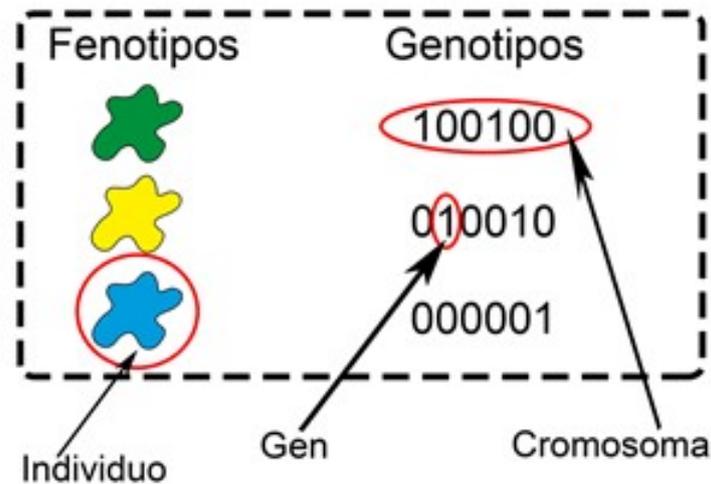


Figura 1.10: Determinantes del tamaño de la población. [38]

Así, el tamaño de la población es un factor crítico en el diseño y la configuración de los algoritmos genéticos. Dado que su elección adecuada permite una exploración efectiva y una convergencia hacia soluciones óptimas en el espacio de búsqueda, todo esto teniendo en cuenta que considerar las características del problema, los recursos disponibles y los demás parámetros del algoritmo es fundamental para obtener resultados exitosos.

- Probabilidad de cruce o recombinación:** Este parámetro determina la probabilidad de que dos individuos seleccionados se crucen y generen descendencia mediante el intercambio de información genética, esto debido en gran parte a que la recombinación permite la combinación de características deseables de diferentes soluciones y ayuda a evitar la convergencia prematura hacia soluciones erróneas [38].

La probabilidad de cruce o recombinación juega un papel crucial al determinar qué tan frecuentemente se producirá el intercambio de información genética entre los individuos de la población (lo cual permite la combinación de características favorables y la evolución de la población hacia soluciones más óptimas). Además, gracias a este parámetro se facilita en gran medida todo el proceso de exploración y explotación del espacio de búsqueda en los algoritmos genéticos, permitiendo que estos encuentren soluciones eficientes y de alta calidad en problemas complejos.

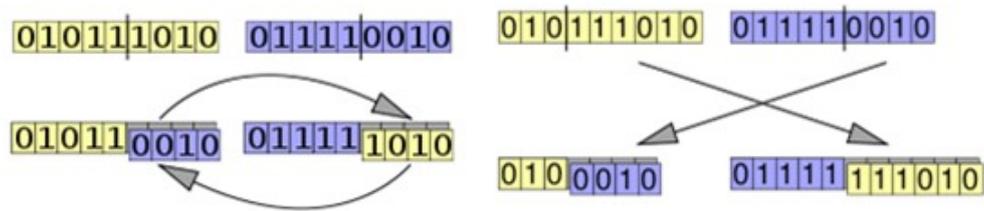


Figura 1.11: Probabilidad de cruce o recombinación. [39]

- Probabilidad de la mutación:** Este parámetro determina la probabilidad de que un gen o una parte del material genético de un individuo mute o cambie aleatoriamente, ya que a través de dicho parámetro se determina la diversidad en la población y puede ayudar a escapar de óptimos locales. Una baja probabilidad de mutación puede llevar a una convergencia temprana hacia soluciones locales, mientras que una alta probabilidad puede generar una exploración excesiva y ralentizar la convergencia [40].

Si la mutación es poco probable, los individuos pueden mantener su información genética sin cambios significativos a lo largo de las generaciones, lo cual limita la capacidad del algoritmo genético para explorar nuevas áreas del espacio de búsqueda y encontrar soluciones más óptimas. En dicho caso la diversidad genética en la población puede disminuir y se corre el riesgo de estancarse en soluciones erróneas.

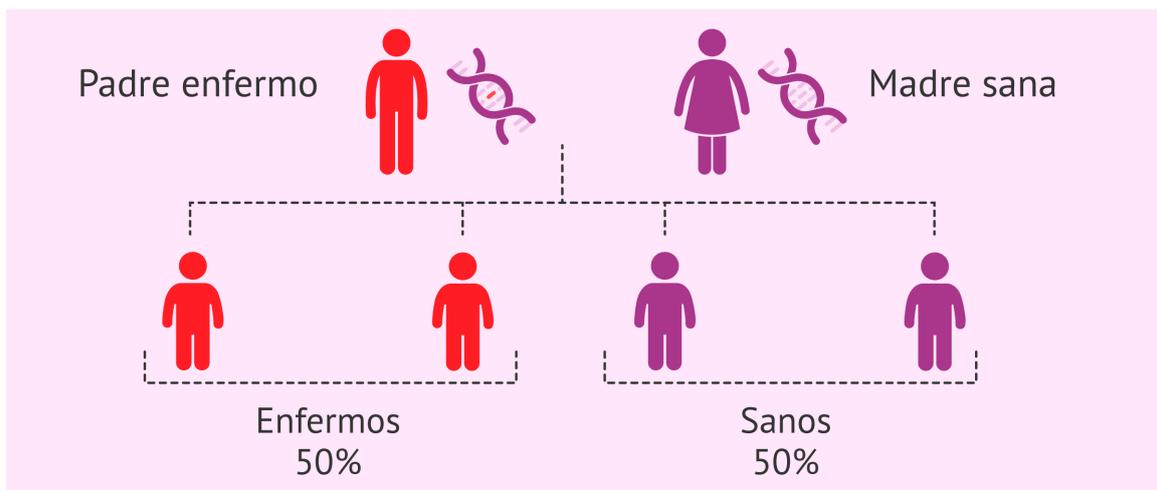


Figura 1.12: Probabilidad de la mutación. [41]

La probabilidad de mutación en los algoritmos genéticos desempeña un papel crucial en la introducción de variabilidad y diversidad genética en la población. Su ajuste adecuado permite equilibrar la exploración y explotación del espacio de búsqueda, evitando la convergencia prematura hacia soluciones erróneas o la exploración excesiva y prolongada. Todo esto bajo el concepto de que al encontrar el valor óptimo de la probabilidad de mutación, se mejora la eficiencia y efectividad del algoritmo genético en la búsqueda y optimización de soluciones.

- **Número de generaciones:** A través de este parámetro, se establece el número máximo de iteraciones o ciclos que realizará el algoritmo genético para buscar soluciones óptimas como se observa en la Figura 1.13, siendo ampliamente determinante en la capacidad del algoritmo para explorar y mejorar gradualmente la calidad de las soluciones a lo largo del tiempo, ya que cada generación del algoritmo implica la selección de individuos, la aplicación de operadores genéticos como la recombinación y la mutación, y la evaluación de la aptitud de cada solución en función de una función objetivo definida [37].

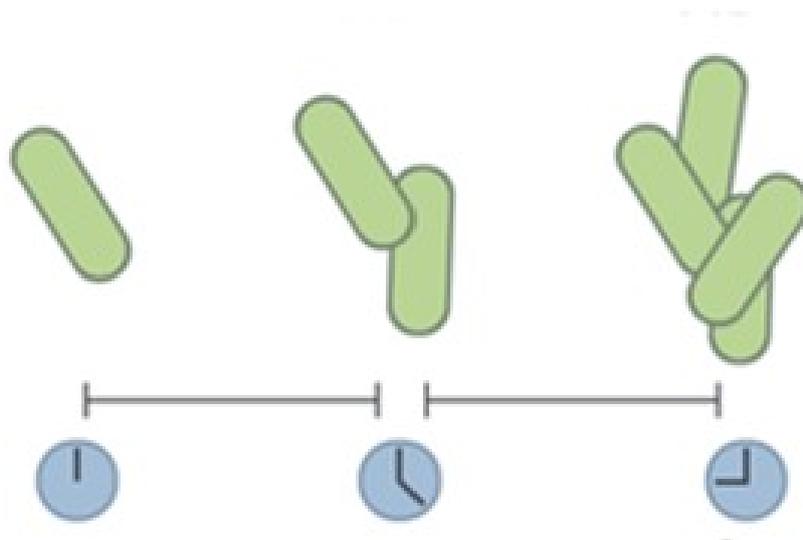


Figura 1.13: Número de generaciones. [41]

La determinación del número de generaciones depende de varios factores, como la complejidad del problema, la diversidad inicial de la población, la eficiencia de los operadores genéticos y la convergencia del algoritmo. Para resolver problemas más complejos o con un espacio de búsqueda

más grande, se pueden requerir un mayor número de generaciones para explorar exhaustivamente las posibles soluciones. Por otro lado, problemas más simples o bien estructurados pueden converger rápidamente en unas pocas generaciones.

- **Codificación genética:** La codificación genética es un proceso fundamental en el campo de la computación evolutiva y los algoritmos genéticos, dicho proceso consiste en representar las soluciones de un problema en forma de estructuras genéticas, que luego son manipuladas y combinadas a través de operadores genéticos para generar nuevas soluciones y evolucionar hacia mejores resultados. Esta representación genética, se encuentra fuertemente inspirada por los mecanismos biológicos de herencia y reproducción presentes en los seres vivos [38].

Con base a lo planteado anteriormente, la codificación genética es un proceso fundamental en los algoritmos genéticos, la cual permite representar las soluciones de un problema en forma de estructuras genéticas. Dicha representación, se encuentra inspirada en la biología permite la manipulación y combinación de genes para generar nuevas soluciones y evolucionar hacia mejores resultados. La elección adecuada de la codificación genética es esencial para el éxito del algoritmo genético en la resolución de problemas complejos.

Capítulo 2

Metodología

En este capítulo se describe la metodología que se utilizará para llevar a cabo el estudio. Aquí, se describirá los métodos y técnicas utilizados para la recopilación y el análisis de datos, así como las estrategias de muestreo y los procedimientos para validar los resultados. Además, se discutirán las fortalezas y limitaciones del método elegido y se justificará la elección del método a la luz de los objetivos de la investigación, por ello se diseña el diagrama de flujo de las fases del proyecto mostrado en la Figura 2.1.

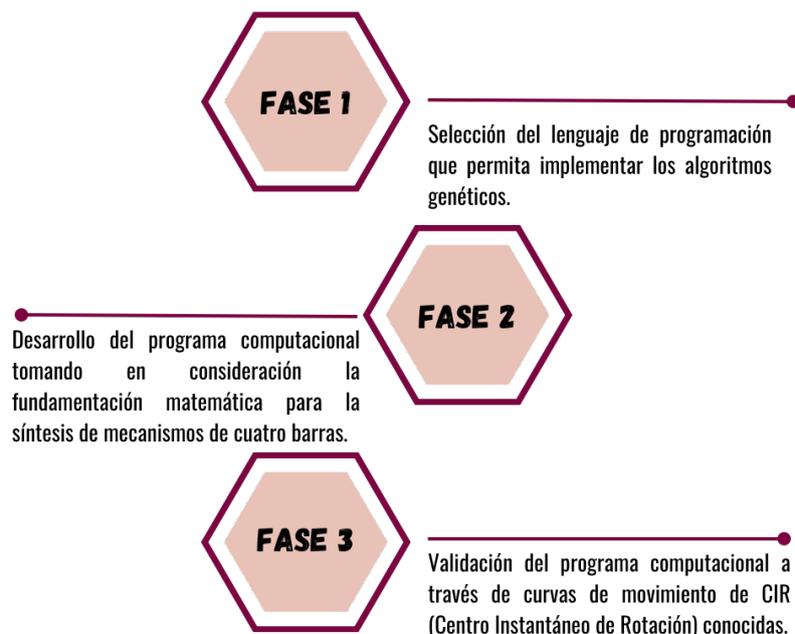


Figura 2.1: Flujograma de las fases del proceso de ejecución del proyecto.

2.1. Modelo de investigación

Este trabajo se estructura en un contexto de investigación rigurosa y sistemática para abordar y avanzar en el conocimiento de los algoritmos genéticos como método de solución a problemas complejos en el ámbito de la biomecánica. En este sentido, se ha desarrollado un modelo de investigación sólido, que proporciona una estructura y una metodología sólidas para la realización de esta investigación.

- **Investigación de simulación:** Se utiliza estas técnicas de simulación computacional para modelar el movimiento de la articulación de la rodilla. En ella se puede implementar ecuaciones biomecánicas y usar técnicas de animación por computadora para visualizar los movimientos de la rodilla.
- **Investigación de optimización:** Para determinar el centro instantáneo de rotación de la rodilla se utiliza un método de optimización que implementa un algoritmo genético para buscar la configuración óptima del mecanismo de la rodilla que satisfaga criterios predefinidos como la minimización de la distancia entre el CIR ideal y el CIR obtenido y seguir un patrón de movimiento determinado. Este modelo ayuda a evaluar la eficiencia de los programas informáticos y su capacidad para encontrar soluciones óptimas.
- **Investigación experimental:** Verificación experimental utilizando datos ideales que se realizan mediante otro programa computacional para recopilar la información entre el CIR ideal y el CIR generado por el programa.

2.2. Materiales y Equipos

- Para dimensionar el mecanismo de la prótesis se desarrolló una plataforma de cómputo utilizando MATLAB versión R2023a (Licencia propiedad de la Universidad Técnica del Norte), que permite determinar la configuración del mecanismo policéntrico de 4 barras con su respectivo CIR. La alimentación de la plataforma de cómputo viene dada por las ecuaciones que rigen el mecanismo de 4 barras y los datos cinemáticos y dinámicos generados.
- Librerías para MATLAB de algoritmos genéticos.

2.3. Estructura de la investigación

2.3.1. Fase 1: Selección del lenguaje de programación que permita implementar los algoritmos genéticos.

En esta etapa, se elige el mejor lenguaje de programación y se puede implementar un algoritmo genético para determinar el CIR de la rodilla. Por lo tanto, se realizan las siguientes actividades para seleccionar la mejor:

- **Investigación de lenguajes de programación:** Se realiza un estudio exhaustivo de varios lenguajes de programación utilizados en el campo de la implementación de algoritmos genéticos, examinando las fortalezas, debilidades y características de cada lenguaje.
- **Condiciones específicas:** Se determina los requisitos específicos necesarios para implementar un algoritmo genético en el programa. Se consideran aspectos como la facilidad de uso, la eficiencia computacional y la interoperabilidad con otras herramientas y tecnologías.
- **Comparación de características:** Se compara las características de los lenguajes de programación que son relevantes para las necesidades específicas. Se consideran aspectos como la sintaxis, la flexibilidad, la disponibilidad de bibliotecas para los algoritmos genéticos.
- **Consulta a expertos o asesores:** Se busca la opinión de expertos en el campo de la programación e implementación de algoritmos genéticos para obtener recomendaciones y consejos.
- **Evaluación de lenguajes de programación:** Basado en la investigación previamente realizada, se toma una decisión sobre el lenguaje de programación que utilizará para implementar los algoritmos genéticos en tu programa computacional.

2.3.2. Fase 2: Desarrollo del programa computacional tomando en consideración la fundamentación matemática para la síntesis de mecanismos de cuatro barras.

- **Revisión de la literatura:** Se realiza una revisión exhaustiva de la literatura académica y técnica relacionada con la síntesis de mecanismos de cuatro barras en la que se busca familiarizarse con los conceptos, métodos y ecuaciones matemáticas que se utilizan para sintetizar estos mecanismos.

- **Definición de los criterios de síntesis:** Se identifican y establecen los criterios y requisitos específicos que se desea lograr en la síntesis de los mecanismos de cuatro barras.
- **Selección de las ecuaciones de síntesis:** Se eligen las ecuaciones matemáticas que se emplearán para realizar la síntesis de los mecanismos de cuatro barras, algunas de estas ecuaciones es la ecuación de Freudenstein.
- **Implementación de algoritmos genéticos para la optimización:** Se implementa algoritmos de optimización en el programa para mejorar la eficiencia y la precisión de sintetizar mecanismos de cuatro enlaces.

2.3.3. Fase 3: Validación del programa computacional a través de curvas de movimiento de CIR (Centro Instantáneo de Rotación) conocidas.

- **Invencción de un CIR ideal:** Se crea un CIR ideal con el cual se validará el programa computacional desarrollado en este estudio, pues no se ha obtenido un CIR médico para realizar dichas evaluaciones.
- **Ejecución del programa computacional:** Se ejecuta el programa computacional para realizar la síntesis del CIR para los mismos datos del programa creado con el CIR ideal considerando adecuadamente los parámetros y las restricciones relevantes.
- **Comparación de los resultados:** Los resultados obtenidos por el programa se comparan con los datos del CIR ideal, en los que se analizan las similitudes y diferencias entre los resultados para evaluar la precisión y validez del programa.
- **Análisis cuantitativo:** El análisis cuantitativo de los resultados se realiza comparando indicadores claves como la distancia entre los puntos CIR calculados por el programa y los del CIR ideal, el error absoluto medio, etc. Los resultados obtenidos se analizan para validar si existe una coherencia y consistencia entre ellos.
- **Documentación de los resultados:** Los resultados de la validación se documentan de forma clara y precisa, incluidos los análisis cuantitativos y cualitativos realizados, las conclusiones alcanzadas y las mejoras recomendadas para el programa informático.

Capítulo 3

Resultados y Análisis

El presente capítulo de resultados y análisis de resultados es fundamental para evaluar el desempeño y la efectividad del programa computacional desarrollado en MATLAB para el diseño del mecanismo de la articulación de rodilla basado en la curva del CIR. Por lo tanto, se presentan y analizan los resultados obtenidos en relación con los objetivos establecidos, incluyendo la selección del lenguaje de programación, el desarrollo del programa computacional y la validación a través de curvas de movimiento de CIR conocidas. Los resultados se evalúan en términos de precisión, confiabilidad y consistencia con los valores de referencia. Además, se discuten las limitaciones y posibles mejoras del programa.

3.1. Selección del lenguaje de programación que permita implementar los algoritmos genéticos

Con el fin de determinar la opción más adecuada para el siguiente objetivo, se llevaron a cabo evaluaciones extensas de varios lenguajes de programación. Los resultados se basan en criterios como la capacidad de trabajo, la presencia de funciones apropiadas y facilidad de uso.

Por ello se da a conocer a continuación, los lenguajes de programación que más se acoplan a las necesidades antes mencionadas:

- **MATLAB:** Es un entorno de programación numérica utilizado en la comunidad científica, popular para implementar algoritmos genéticos, ofrece una amplia gama de funciones y herramientas para

modelado y simulación, y es muy útil para el diseño y análisis de sistemas complejos y utiliza el lenguaje Matricial "m".

- **Python:** Es un lenguaje de programación utilizado en los campos de la ciencia de datos y la optimización, y es popular para implementar algoritmos genéticos. Python tiene una sintaxis simple y legible y bibliotecas como NumPy y Scikit-learn que brindan herramientas útiles para la manipulación de datos y la implementación de algoritmos genéticos.
- **Java:** Es un lenguaje de programación orientado a objetos con varias bibliotecas y herramientas para implementar algoritmos genéticos. Java es conocido por su potencia y escalabilidad, lo que lo hace adecuado para aplicaciones a gran escala de algoritmos genéticos.
- **C++:** Un lenguaje de programación de propósito general conocido por su eficiencia y velocidad de ejecución, utilizado para implementar algoritmos genéticos para aplicaciones computacionalmente intensivas.

En el desarrollo de esta investigación, se ha tomado la decisión de utilizar MATLAB como el lenguaje principal de programación.

MATLAB ofrece una serie de beneficios para el manejo de algoritmos genéticos en el contexto de esta investigación. Su facilidad de implementación, gracias a las funciones integradas específicas para operadores genéticos, simplifica la codificación y experimentación con estos algoritmos. La versatilidad y flexibilidad de MATLAB le permiten configurar parámetros y ejecutar pruebas de manera eficiente, agilizando su proceso de desarrollo y optimización. Además, su amplio conjunto de funciones matemáticas, así como un entorno de desarrollo integrado (IDE) fácil de usar, facilitan la integración y el análisis de algoritmos genéticos. Más aún la Universidad Técnica del Norte cuenta con una licencia institucional para MATLAB, lo que garantiza el acceso y soporte continuo, lo que la convierte en una opción ideal, respaldada por una plataforma confiable y accesible para realizar esta investigación.

3.2. Desarrollo del programa computacional tomando en consideración la fundamentación matemática para la síntesis de mecanismos de cuatro barras

Luego de haber realizado una exhaustiva investigación y análisis de los principios y ecuaciones fundamentales que rigen la síntesis de mecanismos de cuatro barras en el contexto de la articulación de rodilla. En los resultados obtenidos, se pudo observar la implementación exitosa de estos conceptos básicos matemáticos en un programa informático como MATLAB, se pueden crear y optimizar la codificación de los mecanismos de cuatro barras con precisión y eficiencia.

Para el desarrollo del programa computacional ha sido necesario realizar un diagrama de flujo, como se muestra en la Figura 3.1, en el que se representa el proceso que realizan los algoritmos genéticos para obtener una solución óptima.

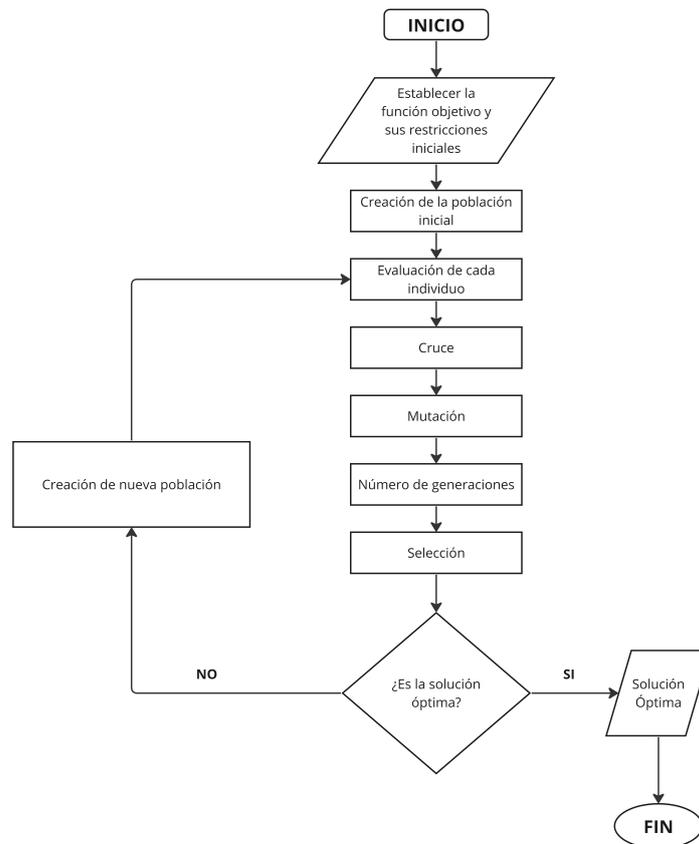


Figura 3.1: Diagrama de flujo del algoritmo genético.

Es importante resaltar la función objetivo utilizada en el programa, porque representa un elemento central en la optimización del diseño del mecanismo de la articulación de la rodilla, ya que es el criterio mediante el cual se evalúan y seleccionan las soluciones candidatas generadas por los algoritmos genéticos. En este contexto, la función objetivo se diseñó meticulosamente para minimizar el error entre el CIR ideal y el CIR generado por el programa. A través de este enfoque de optimización específica, el programa puede identificar soluciones que se adaptan de manera óptima a los requisitos específicos de la articulación de la rodilla. A continuación se indica el código que representa la función objetivo del software que se basa en la representación de la Figura 1.9 C:

```

function [X_cir,Y_cir]=CIR(a,b,c,d,t1,t_as,l,tr_max)

t_r=linspace(0,tr_max,l);
t3=t_as+t_r;

// Implementamos las ecuaciones 1.6 - 1.7 - 1.8
A=(a^2+b^2-c^2+d^2)/(2*a*b)+(d/b)*cos(t1)-(d/a)*cos(t1-t3)-cos(t3);
B=2*(sin(t3)-(d/b)*sin(t1));
C=(a^2+b^2-c^2+d^2)/(2*a*b)-(d/b)*cos(t1)-(d/a)*cos(t1-t3)+cos(t3);

// Implementamos las ecuaciones 1.10 - 1.11 - 1.12
D=(-a^2+b^2+c^2+d^2)/(2*b*c)-d*(cos(t1-t3))/c-d*cos(t1)/b+cos(t3);
E=2*(d*sin(t1)/b-sin(t3));
F=(-a^2+b^2+c^2+d^2)/(2*b*c)-d*(cos(t1-t3))/c+d*cos(t1)/b-cos(t3);

// Implementamos las ecuaciones 1.5 y 1.9
t2=2*atan(0.5*(-B+sqrt(B.^2-4*A.*C))./A);
t4=2*atan(0.5*(-E-sqrt(E.^2-4*D.*F))./D);

//Colocamos las coordenadas de los cuatro puntos del mecanismo
Xoa=0;

```

```

Yoa=0;
Xob=d*cos(t1);
Yob=d*sin(t1);
Xa=a*cos(t2);
Ya=a*sin(t2);
Xb=Xob+c*cos(t4);
Yb=Yob+c*sin(t4);

Xb_cir=(Xob*tan(t4)-Yob)./(tan(t4)-tan(t2))-d*cos(t1)-c*cos(t4);
Yb_cir=(Xob*tan(t4)-Yob).*tan(t2)./(tan(t4)-tan(t2))-d*sin(t1)-c*sin(t4);

// Coordenadas del punto del CIR
X_cir=Xb_cir+Xb;
Y_cir=Yb_cir+Yb;
end

```

Luego de determinar las principales etapas de trabajo con algoritmos genéticos y la función objetivo fundamental para la creación del programa, se comienza con la etapa de implementación. En esta etapa el software MATLAB actúa como la herramienta elegida para implementar el programa informático.

La primera etapa del proceso implica la creación de una población inicial la cual se crea de forma aleatoria, es decir, las personas que la integran se seleccionan sin ningún sesgo. La variabilidad de esta población de origen es un elemento crítico ya que influye directamente en la diversidad genética y la capacidad del algoritmo genético para explorar una amplia gama de soluciones.

Dicha población varía en tamaño y composición, y estas características se definen previamente según los requisitos y objetivos del diseño del mecanismo de la articulación de rodilla. La cantidad de individuos en la población y el número de cromosomas que cada individuo lleva consigo se seleccionan para equilibrar la exploración del espacio de soluciones y la eficiencia computacional.

Durante la implementación, se aplican restricciones críticas definidas a la población y a las soluciones resultantes. Las limitaciones están directamente relacionadas con la longitud de los cuatro eslabones que componen el mecanismo y los ángulos asociados a ellos. Dichas delimitaciones desempeñan un

papel fundamental a la hora de encontrar soluciones para las rodillas viables y físicamente alcanzables. Garantizan que las soluciones propuestas por el programa cumplan con las restricciones estructurales y funcionales necesarias para avalar el correcto funcionamiento, por ello se representa en la Figura 3.2, un diagrama de flujo con un extracto del código implementado para obtener la población inicial con sus respectivas limitantes antes mencionadas.

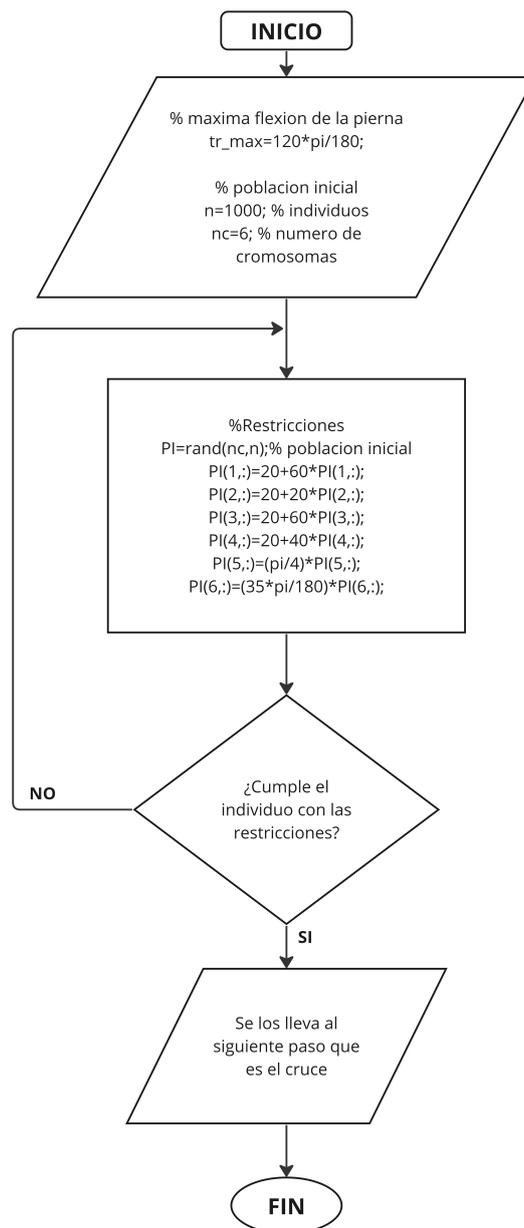


Figura 3.2: Declaración de la población inicial y sus restricciones.

Las restricciones que se plasman en el diagrama de la Figura 3.2. Se puede observar que son datos obtenidos de la Tabla 3.1, en la que se da a conocer las dimensiones ideales para un funcionamiento idóneo de las prótesis de rodilla.

La parte del cruce en los algoritmos genéticos es un componente fundamental que simula el proceso de reproducción y herencia genética, lo que juega un papel importante en la generación de nuevas soluciones. En el contexto del programa, esta etapa es importante para la evolución y mejora continua de la solución candidata como se demuestra en la Figura 3.3.

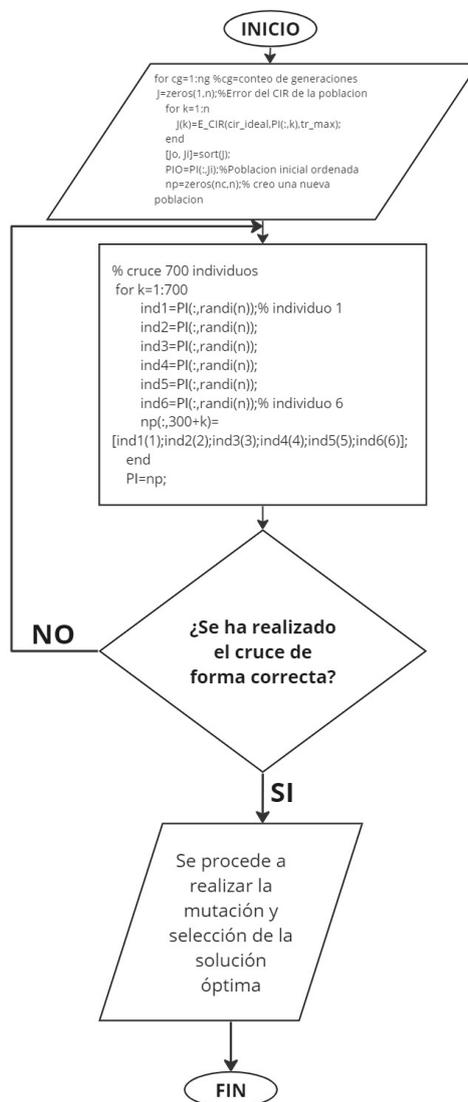


Figura 3.3: Diagrama de flujo para el cruce de los individuos y con ello obtener una población para la mutación.

Al haber obtenido la población después del cruce, se realiza la mutación de ella y la selección de la solución al problema planteado, puesto que, la mutación introduce variabilidad en la población, permitiendo la exploración de nuevas posibilidades, mientras que la selección identifica y retiene las soluciones más prometedoras. Estos procesos son vitales en la búsqueda de una solución a la función objetivo, es decir, a las longitudes de los eslabones y los ángulos inmersos en ellos. En esta sección, se aplican estos principios para mejorar continuamente las soluciones y así llegar a la óptima, como se puede visualizar en la Figura 3.4.

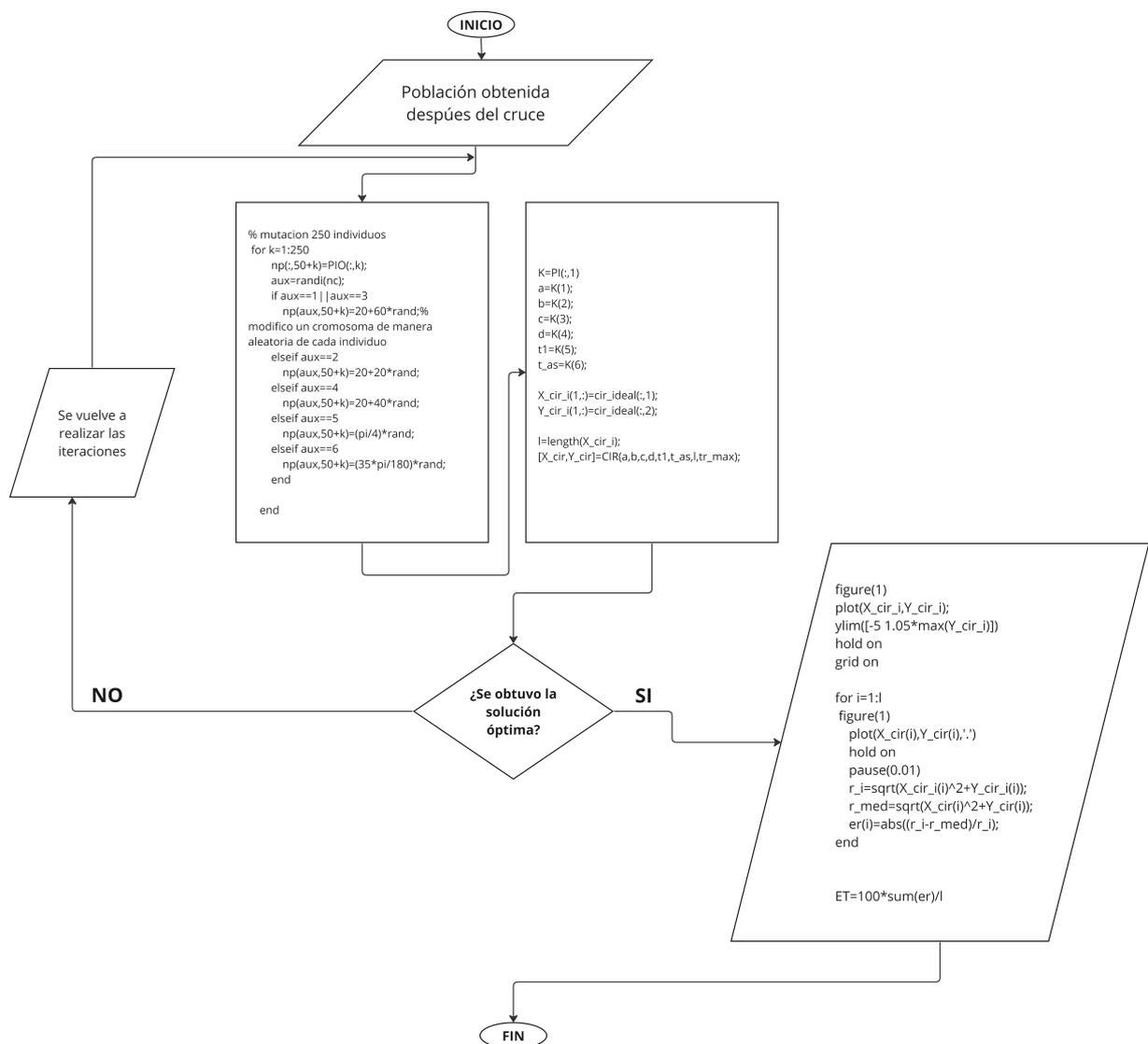


Figura 3.4: Diagrama de flujo para realizar la mutación y la selección de la solución óptima para el problema planteado.

3.3. Validación del programa computacional a través de curvas de movimiento de CIR (Centro Instantáneo de Rotación) conocidas

La validación del programa es un paso decisivo en el proceso de desarrollo pues tiene como objetivo verificar si el programa es capaz de cumplir con su propósito: el cálculo preciso y consistente del centro instantáneo de rotación (CIR) de la articulación de la rodilla.

El método de validación elegido, se basa en el uso de datos de referencia conocidos. Estos datos de referencia son una medición o curva de movimiento del centro instantáneo de rotación (CIR) de la articulación de la rodilla que se considera precisa y confiable. Este método tiene como objetivo no sólo garantizar la precisión del programa sino también demostrar su confiabilidad en el uso práctico, respaldando su utilidad en análisis biomecánicos y otras aplicaciones relacionadas con la articulación de la rodilla.

En la Tabla 3.1, se observan las delimitaciones dimensionales de cada parámetro los cuales desempeñan un papel fundamental al proporcionar información precisa sobre las dimensiones y restricciones geométricas de los eslabones involucrados en la articulación. Estos datos actúan como cimientos sólidos para la definición de las restricciones que afectarán directamente la funcionalidad y el rendimiento del mecanismo.

Parámetro o variable	Valor mínimo	Valor máximo
Eslabón a	20 mm	80 mm
Eslabón b	20 mm	40 mm
Eslabón c	20 mm	80 mm
Eslabón d	20 mm	60 mm
Ángulo θ_1	0°	45°
Ángulo θ^*	0°	35°

Tabla 3.1: Delimitación dimensional de cada parámetro del mecanismo. [3]

Al haber observado las dimensiones ideales de los eslabones para una función normal de la prótesis de rodilla, se procede a realizar un programa computacional basado en los datos de la Tabla 3.1, con lo que se busca obtener una curva del CIR ideal para luego alimentar con dicha curva al programa antes mencionado, para que realice la comparación mediante el algoritmo genético que se esta implementando

y así obtener los mejores resultados y verificar que el error porcentual sea mínimo.

Por ello, a continuación se presenta el diagrama de flujo de la Figura 3.5 del programa que se realizó para obtener un CIR ideal de la rodilla, para poder hacer la validación correspondiente.

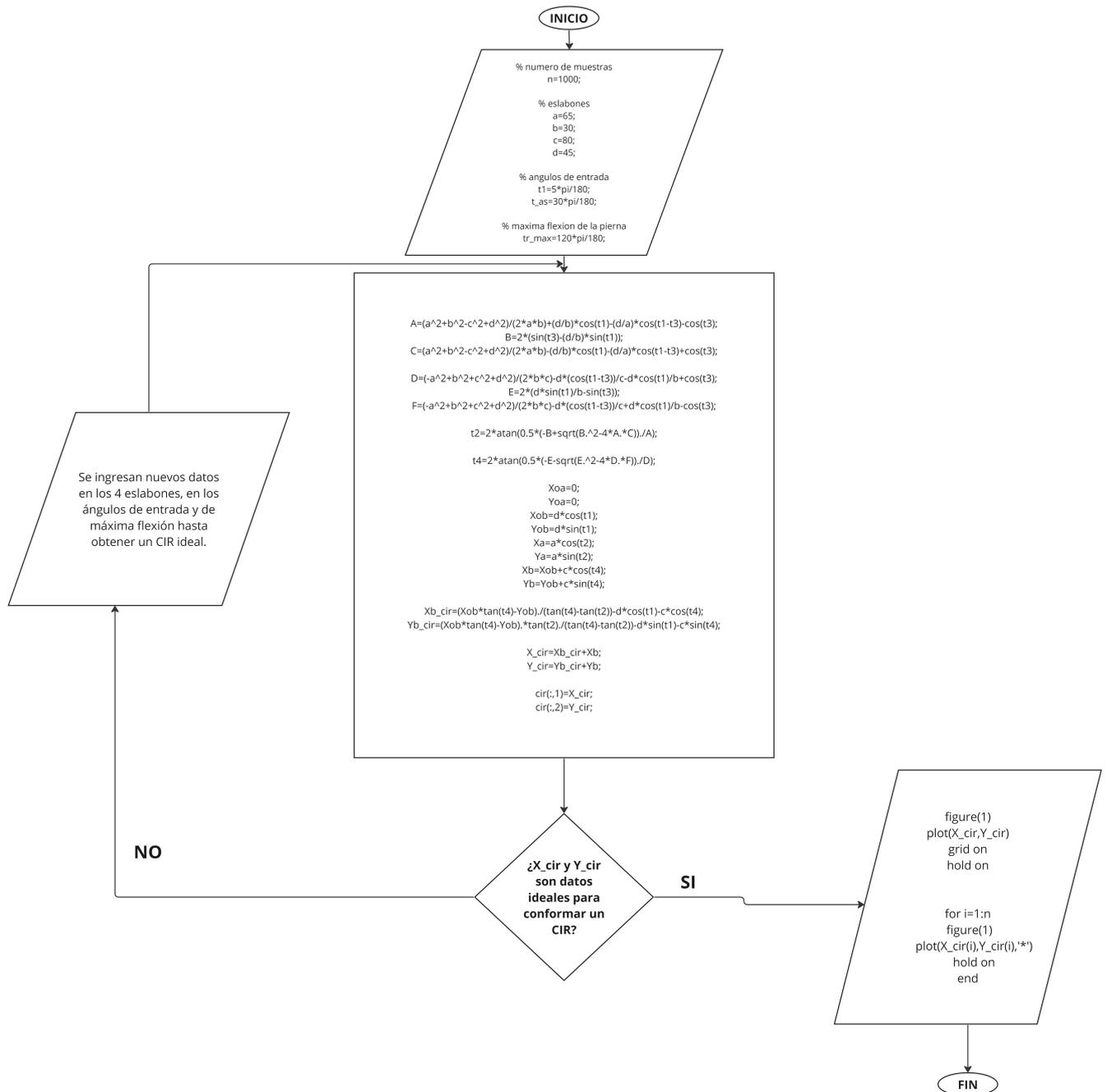


Figura 3.5: Diagrama de flujo de programa capaz de obtener un CIR ideal

Al obtener un resultado positivo, se procede a graficar el CIR ideal como se muestra en la Figura 3.6, en la que se observa el resultado obtenido y también se puede observar que sobre la curva se colocaron puntos, los cuales se grafican dependiendo del número de muestras que se hayan ingresado como dato al programa, para que así el algoritmo genético del programa a validar pueda realizar una minimización del error de punto a punto y con ello conseguir resultados más precisos.

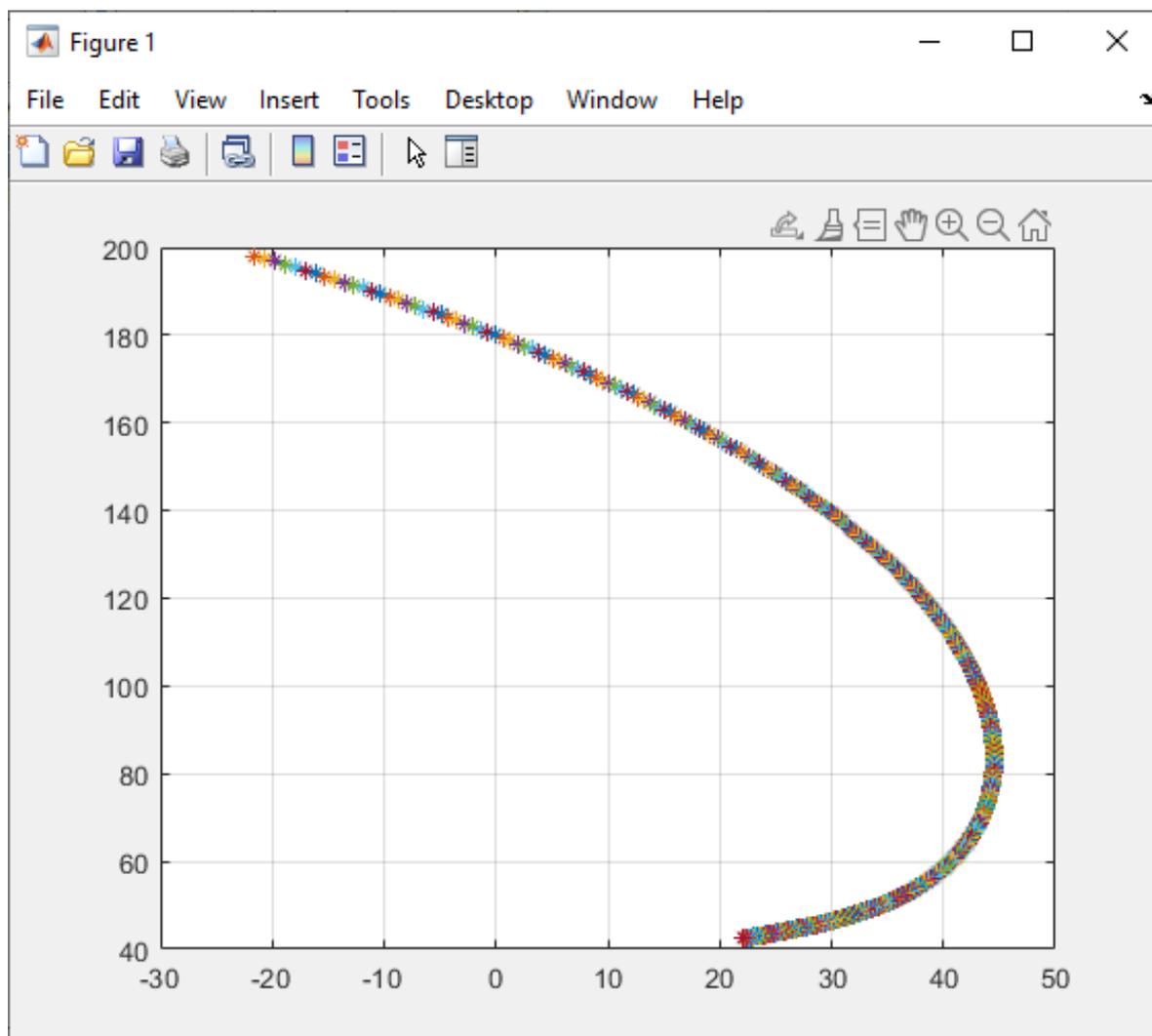


Figura 3.6: CIR ideal con sus respectivos puntos.

Después de haber obtenido la curva del CIR ideal, la cual fue elaborada en base a los datos de referencia antes mencionados, se ingresa dicha curva y el conjunto de puntos al programa que se va a validar como datos ideales, con los que se procede a verificar si el programa cumple o no con su objetivo

principal y con ello se obtiene la siguiente curva del CIR, la cual esta representada por puntos como se observa en la Figura 3.7.

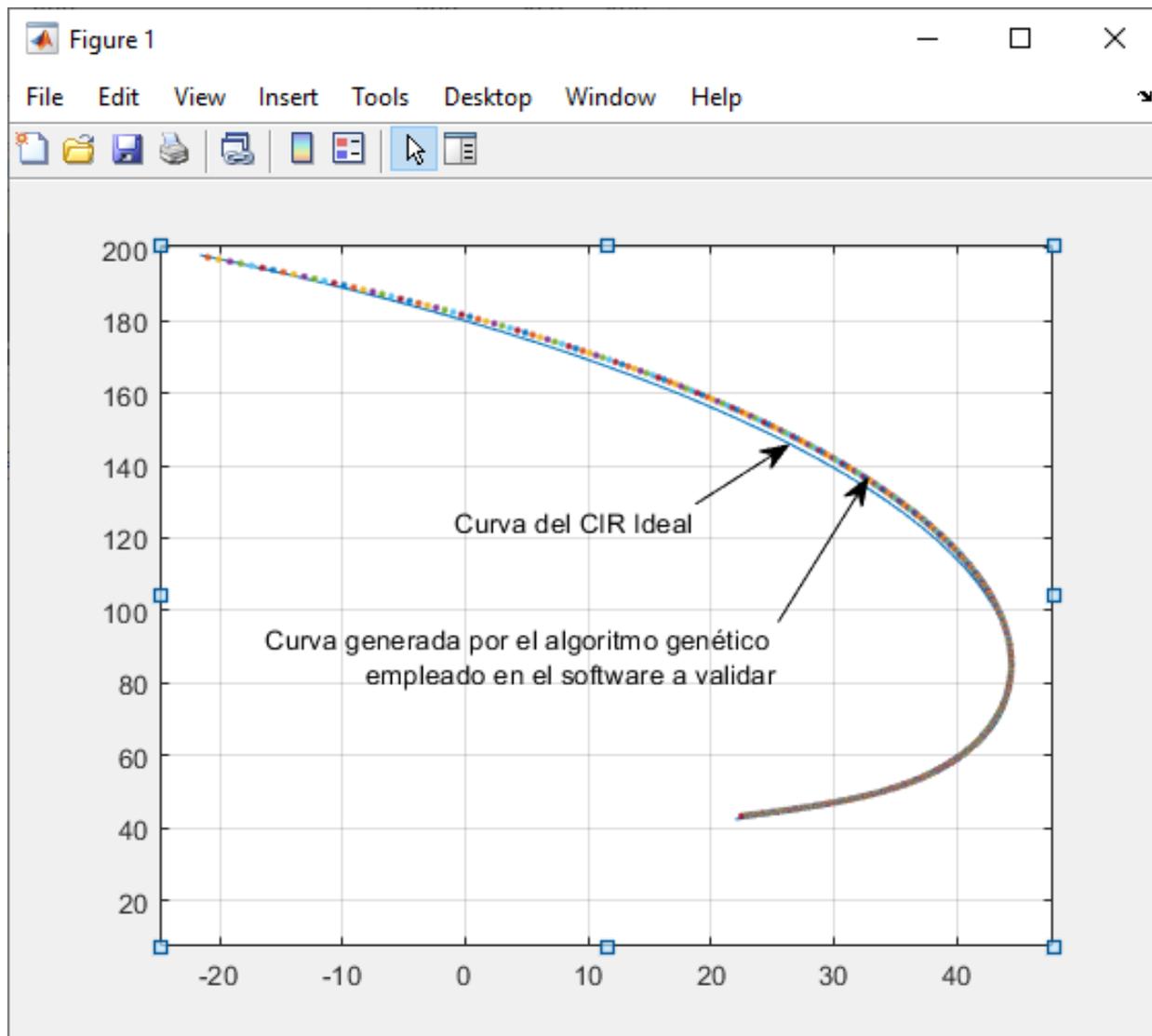


Figura 3.7: Curva del CIR generada por el software que se está validando.

Esta curva representada por puntos, es la curva generada por el programa que se está validando, el cual trabaja con algoritmos genéticos capaces de hallar la mejor solución posible como se observa en la Figura 3.7, al comparar entre la curva generada y la curva ideal, se logra encontrar mucha similitud entre ellas en cada tramo. También se puede observar en la Figura 3.8 un desfase entre curvas, por ello, identificar y comprender estas brechas es fundamental, ya que pueden revelar las fortalezas y limitaciones

del programa. Una compensación mínima indica que el software es capaz de calcular el CIR de manera precisa y consistente, lo cual es fundamental para aplicaciones clínicas y de diseño. Por otro lado, un retraso significativo puede indicar áreas que requieren mejoras en la precisión del programa. Por ello se calcula el error para dar a conocer que tan confiable es el programa.

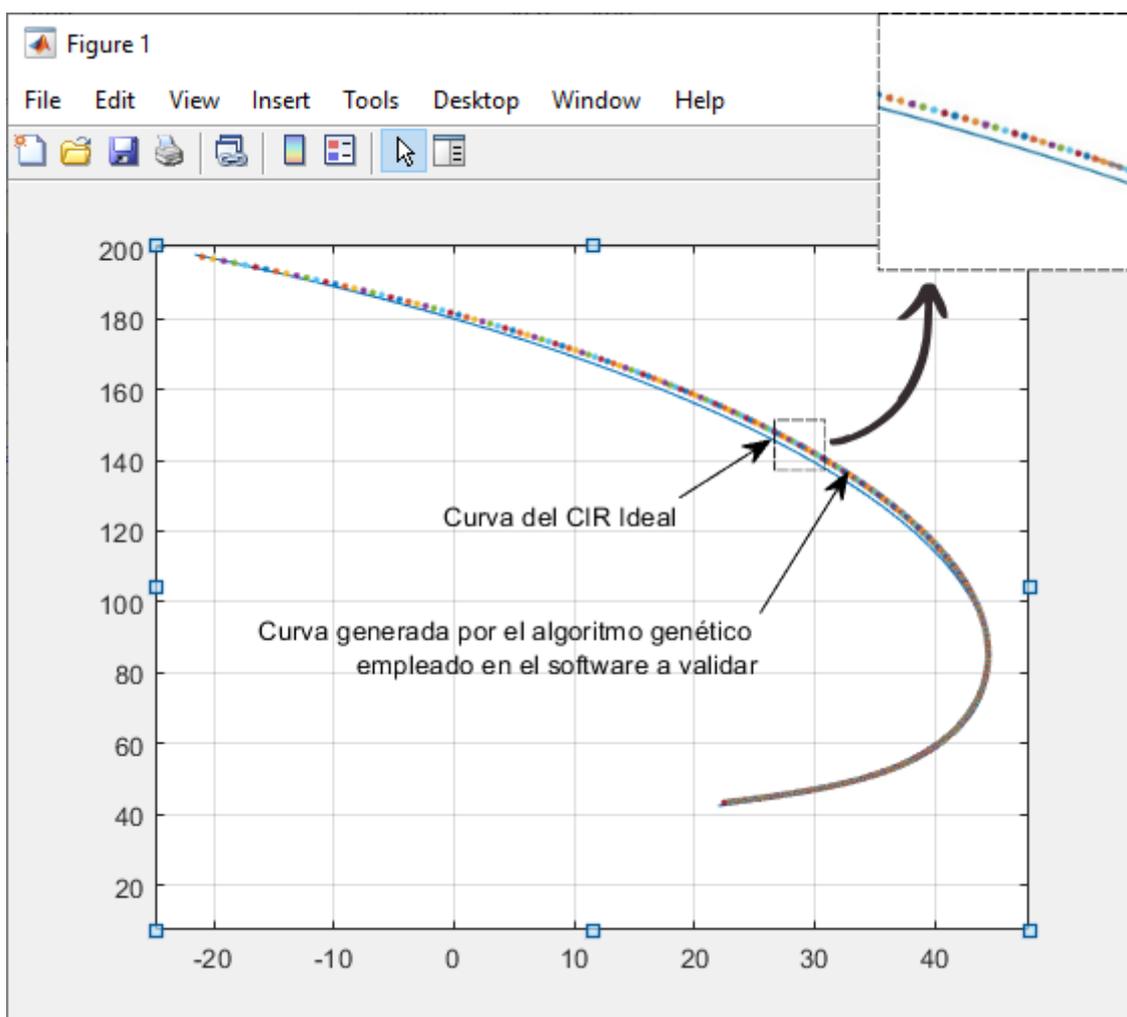


Figura 3.8: Desfase entre la curva del CIR ideal y la curva del CIR generada (Zoom 180 %).

El error porcentual se ha calculado con la suma de cada muestra entre punto a punto, luego se hizo la suma de estos y se los divide para l , es decir el número de muestras y al final se multiplica por 100, como se observa en la Ecuación 3.1.

$$\mathbf{ET} = 100 \times \frac{\text{sum}(er)}{l} \quad (3.1)$$

Con el cálculo del error porcentual obtenido en el resultado de la Ecuación 3.2, se validan los datos que da el programa y se concluye que la solución resultante es apta y confiable para implementarla físicamente en la parte médica e ingenieril.

$$ET = 0,9011 \quad (3.2)$$

A continuación, se realiza una comparación entre los datos ideales y los generados por el programa como se observa en la Tabla 3.2, ya que esto implica verificar si las dimensiones de los eslabones y los ángulos resultantes del programa se ajustan a los requisitos y objetivos de diseño previamente definidos como ideales.

El análisis detallado de estas diferencias ayuda a contextualizar y evaluar la efectividad del programa en generar soluciones óptimas para el diseño de mecanismos de articulación de rodilla.

Parámetros o variables	Dimensiones Ideales	Dimensiones generadas
Eslabón a	65 mm	65.3019 mm
Eslabón b	30 mm	31.9036 mm
Eslabón c	80 mm	75.8302 mm
Eslabón d	45 mm	46.6126 mm
Ángulo θ_1	0.0873°	0.23°
Ángulo θ^*	0.5236 °	0.5674°

Tabla 3.2: Comparación entre las dimensiones ideales y las generadas de los eslabones y ángulos con un porcentaje de error del 0.9011 %.

Durante la validación del programa desarrollado, se mostró de manera convincente su alto grado de precisión y capacidad para generar resultados consistentes y confiables en la determinación del centro instantáneo de rotación (CIR) de la articulación de la rodilla. Los datos de entrada conocidos, así como las métricas de evaluación aplicadas, confirmaron la precisión del programa en comparación con las mediciones reales y los registros CIR previamente verificados. Este éxito de validación no sólo confirma la confiabilidad del programa, sino que también sienta las bases para su aplicación en investigación biomecánica, diseño de dispositivos médicos y análisis clínicos relacionados con la rodilla. Por lo tanto, el programa ha sido validado con éxito y puede hacer una contribución significativa al desarrollo de la investigación y la práctica en esta área.

Capítulo 4

Conclusiones y recomendaciones

El siguiente capítulo concluye la investigación y proporciona una síntesis de los hallazgos y logros en el desarrollo del programa de computadora para diseñar el mecanismo de la articulación de la rodilla basado en la curva CIR. Este capítulo presenta las conclusiones derivadas del análisis de los resultados obtenidos y destaca la precisión y fiabilidad del programa en la determinación del CIR. Se resumen las contribuciones a la biomecánica de la rodilla y se discuten las implicaciones prácticas y teóricas de la investigación. Además, se dan recomendaciones para trabajos futuros, como mejoras en la implementación del programa, la exploración de nuevas técnicas de optimización y la aplicación del programa en el contexto clínico o en el contexto del diseño de prótesis. Las conclusiones y recomendaciones ofrecen una visión completa y definitiva del trabajo realizado, completando así el ciclo de investigación y proporcionando una guía para futuras investigaciones en esta área.

4.1. Conclusiones

- A través de la realización del proyecto de titulación y su análisis previo, referente a programas computacionales se pudo concluir que, existen parámetros que acercan al usuario a mejorar su desempeño con el software de forma correcta, uno de ellos o quizás el más importante repercute a la posibilidad de seleccionar el lenguaje de programación que permita implementar los algoritmos genéticos, acción que certifica la comprensión del mismo de forma clara y sin dificultades.
- Este estudio ha demostrado que, desarrollar el programa computacional tomando en consideración

la fundamentación matemática es imprescindible para la síntesis de mecanismos de cuatro barras. Por ello se pudo concluir que, todo software asociado a la comprensión de facultades empíricas, necesita de un acompañamiento teórico, en este caso matemático, para asegurar los resultados y alejarse del índice de fallo.

- Por conocimiento relacional y en base al análisis de resultados se pudo concluir que, la validación del programa utilizando el CIR, mejora y simplifica el proceso para determinar la articulación de la rodilla, dicho de otra manera se utilizan curvas de movimiento de CIR (Centro Instantáneo de Rotación) conocidas. Sin embargo, estudios recientes demuestran que la curva del CIR depende de muchos factores, no necesariamente cinemáticos, sino dinámicos puesto que siempre se encuentra en constante cambio.

4.2. Recomendaciones

- Para dar seguimiento al presente escrito como base estudio o sustento bibliográfico se recomienda que, toda operacionalización referente al CIR (Centro Instantáneo de Rotación), debe estar regido para la supervisión de un profesional de la malla de Mecatrónica, esto con el fin de asegurar un resultado parcial cercano a la realidad y desechar antiguas técnicas de optimización empíricas.
- Cabe destacar la carencia de una interfaz gráfica dentro del programa computacional, se recomienda a futuros lectores que, es necesario conocer el menú de opciones de nuestro software de forma detallada antes de realizar una medida. Todo esto busca minimizar las complicaciones del usuario a cargo, ofreciéndole una experiencia con una interfaz amigable.
- Se recomienda el uso de este programa computacional por parte de los profesionales en fisioterapia y diseño de órtesis. Este software ofrece herramientas efectivas y precisas para el diseño de órtesis para la articulación de la rodilla, minimizando así la interferencia cinemática entre la órtesis y el movimiento natural de la rodilla. Al utilizar este programa durante el proceso de diseño, los fisioterapeutas pueden crear una órtesis que se adapte de manera más óptima a la biomecánica específica de cada paciente, mejorando así la comodidad, el rendimiento y la eficacia terapéutica. Así, el objetivo no es sólo mejorar la calidad de la atención al paciente, sino también optimizar el

proceso de rehabilitación y hacer una contribución significativa a la práctica clínica en el campo de la fisioterapia.

- Teniendo en cuenta la eficacia y relevancia de la investigación realizada sobre el diseño de mecanismos de rodilla de cuatro barras, se propone realizar un estudio similar centrado en los mecanismos cruzados. Este tipo de investigación puede proporcionar información adicional y valiosa sobre el diseño de mecanismos biomecánicos más complejos, que abarcan una variedad de aplicaciones en ingeniería y biomecánica. Estudiar el uso de algoritmos genéticos y programas computacionales para sintetizar mecanismos cruzados podría jugar un papel fundamental en la optimización de dispositivos, mecanismos o sistemas que impliquen movimientos articulados más complejos. Esta recomendación tiene como objetivo avanzar en el conocimiento del diseño mecánico, permitiendo avances significativos en campos que van desde la ingeniería hasta la medicina y la biomecánica, con el potencial de impactar la calidad de vida y el rendimiento de los dispositivos tecnológicos y médicos.
- Como segmento final del estudio, se recomienda que, es prudente indagar sobre nuevas metodologías de apoyo tecnológico inclusive al software de computadora. Visto desde otra perspectiva, conocer opiniones diferentes, ciertamente mejora la capacidad de entendimiento y ayuda a los implicados tener opciones para el diseño del mecanismo de la articulación de la rodilla.

Bibliografía

- [1] A. M. Cárdenas, J. Uribe, and A. M. Hernández, “Parametric modeling of kinetic-kinematic polycentric mechanical knee,” *IFMBE Proceedings*, vol. 60, pp. 597–600, 2017.
- [2] PAZMIÑO G. MARCELO T., “Principales causas de amputación de miembros inferiores presente en pacientes protésicos, atendidos en el periodo enero 2012–mayo 2018 en el Centro Especializado en Rehabilitación Integral (CERI),” *Repositorio Pontificia Universidad Católica Del Ecuador*, pp. 14–40, 2018.
- [3] B. T. Amador, R. R. Torrealba, M. Rojas, J. Cappelletto, and C. M. Müller-Karger, “Metodología para dimensionamiento de mecanismo policéntrico de rodilla utilizando análisis de marcha y algoritmos genéticos,” *Revista Ingeniería Biomédica*, vol. 6, pp. 30–45, 2012.
- [4] F. V. Pintado Albarracin and G. F. Vintimilla Leon, *Diseño y construcción de una prótesis de rodilla asistida para amputación transfemoral (Tesis de Grado)*. Cuenca: Universidad Politécnica Salesiana, 2020.
- [5] E. Merchán Cruz, E. Lugo González, J. Ramírez Gordillo, R. Rodríguez Cañizo, J. Sandoval Pineda, and L. Hernández Gómez, “Síntesis Genética de Mecanismos para Aplicaciones en Prótesis de Miembro Inferior,” *Revista Iberoamericana de Automática e Informática industrial*, vol. 8, pp. 45–51, 4 2011.
- [6] E. Lugo González, E. A. Merchán Cruz, and L. H. Hernández Gómez, “Synthesis Optimization of Planar Mechanisms,” in *Electromechanical and Systems Engineering*, vol. 15 of *Applied Mechanics and Materials*, pp. 55–60, Trans Tech Publications Ltd, 5 2009.

- [7] E. Flórez, N. N. Romero Nuñez, and Y. A. Florez Martínez, “Síntesis óptima de un mecanismo de cuatro barras para la rodilla utilizando coordenadas naturales para la formulación cinemática,” *Tecnura*, vol. 26, pp. 115–129, 7 2022.
- [8] J. F. Soriano, J. E. Rodríguez, and L. A. Valencia, “Performance comparison and design of an optimal polycentric knee mechanism,” *Journal of the Brazilian Society of Mechanical Sciences and Engineering*, vol. 42, no. 5, p. 221, 2020.
- [9] L. Hernandez Gomez, E. González, J. Beltrán-Fernández, U. C. Guillermo Manuel, and G. Urriolagoitia-Sosa, “Aplicación de algoritmos genéticos al diseño de una rodilla para prótesis de extremidades inferiores,” in *Conference: 1st International Scientific Event Enlac Triathlon*, 5 2012.
- [10] B. Camino González, J. Carlos ASESOR, M. Ing León Lescano, and E. Javier, “Síntesis de una prótesis de rodilla para garantizar la estabilidad de una persona al caminar usando la curva de centros instantáneos de rotación,” *Universidad Nacional de Trujillo*, 8 2017.
- [11] H. F. Casanova Rivera, *Diseño de un mecanismo de generación de actualizaciones dinámico utilizando aprendizaje reforzado en comunicaciones IOT celular para optimizar la frescura de la información*. PhD thesis, Riobamba, Universidad Nacional de Chimborazo, 2022.
- [12] O. G. Rivera Estupiñan, *Diseño y desarrollo de una herramienta computacional, para el cálculo del diámetro mínimo de ejes de transmisión, bajo la acción de cargas cíclicas*. PhD thesis, Universidad Nacional de Loja, Loja, 2 2020.
- [13] P. A. Tandazo Quichimbo, *Sistema Open Source con conexión a la plataforma Cloudfoghorn para el monitoreo de programas informáticos en los laboratorios de la Facultad de Ingeniería en Sistemas, Electrónica e Industrial*. PhD thesis, Universidad Técnica de Ambato, 2019.
- [14] C. A. Grijalva Cachipiendo, *Dispositivo para cinesiterapia pasiva de rodilla con mecanismo de articulación policéntrica (Tesis de Grado)*. Ibarra: Repositorio Digital Universidad Técnica del Norte, 2020.

- [15] F. D. Nicolalde Celorio and L. D. Calvache Ávila, *Diseño y construcción de un prototipo de mano robótica con control de presión para el agarre de diferentes tipos de objetos (Tesis de Grado)*. Quito: Pontificia Universidad Católica del Ecuador, 2022.
- [16] P. D. Simaluisa Sambachi and E. Chávez Cevallos, *Terapéutica en medios acuáticos para la rehabilitación de lesiones en ligamentos de la rodilla en futbolistas de la Liga Deportiva Universitaria (Tesis de Maestría)*. Sangolquí: Repositorio de la Universidad de Fuerzas Armadas ESPE, 2018.
- [17] M. Latarjet and A. R. Liard, “ANATOMÍA HUMANA. TOMO 1 QUINTA EDICIÓN.,” in *ANATOMÍA HUMANA*, 2019.
- [18] KLINIK am RING, “Anatomy Knee Joint .”
- [19] M. M. Solis Vega, “Lesiones en la rodilla por accidentes de tránsito en pacientes del Hospital Babahoyo IESS,” *Repositorio Universidad de Guayaquil*, 2018.
- [20] M. d. R. Martín Grandes, “Estudio anatómico, radiológico y funcional de la articulación de rodilla,” 6 2016.
- [21] D. A. Neumann, *Kinesiology of the musculoskeletal system-e-book: foundations for rehabilitation*. Elsevier Health Sciences, 2016.
- [22] B. R. S. Jara and E. A. A. Muñoz, “Biomecánica de la articulación de rodilla durante la sentadilla: Una revisión sistemática,” *Journal of Movement & Health*, vol. 19, pp. 1–14, 7 2022.
- [23] D. G. Ratto, M. Cascales, M. Fernández-Villacañas, C. A. Alemán, and D. P. Asensi, “Anatomía y biomecánica de la articulación de la rodilla,” *Patología Degenerativa de la Rodilla*, vol. 1, no. 1, pp. 1–10, 2013.
- [24] S. J. Hall, “Basic Biomechanics,” in *Basic Biomechanics, 7e*, New York, NY: McGraw-Hill Education, 2015.
- [25] Aula de Anatomía, “Rodilla,” 2018.
- [26] OrthoInfo, “Osteoartritis de rodilla (Knee Osteoarthritis),” 2020.

- [27] R. L. Drake, W. Vogl, and A. W. M. Mitchell, *Gray's anatomy for students*. Elsevier Health Sciences TW, 2005.
- [28] F. Ocaña Rios, *Tratamiento fisioterapéutico en fractura de extremidad distal del fémur*. PhD thesis, Universidad Inca Garcilaso de la Vega, Lima, 2017.
- [29] R. Shenoy, P. S. Pastides, and D. Nathwani, "(iii) Biomechanics of the knee and TKR," *Orthopaedics and Trauma*, vol. 27, no. 6, pp. 364–371, 2013.
- [30] S. Obando, "BIOMECÁNICA DE LA RODILLA - ppt video online descargar."
- [31] I. I. Cigarroa, F. A. Palomera, J. P. Pino, H. C. Hernández, S. A. Sepúlveda, C. A. Soto, and R. E. Zapata-Lamana, "Ganancia de extensión de rodilla usando ultrasonido terapéutico y estiramiento pasivo en pacientes con parálisis cerebral espástica leve," *Fisioterapia*, vol. 38, pp. 118–126, 5 2016.
- [32] J. A. Guerrero García and others, *Análisis del acondicionamiento para un sistema de ecuaciones generado a partir de la ecuación de Freudenstein (Tesis de Maestría)*. Medellín: Repositorio Institucional Universidad EAFIT, 2015.
- [33] D. A. Hobson and L. E. Torfason, "Computer optimization of polycentric prosthetic knee mechanisms.," *Bulletin of prosthetics research*, pp. 187–201, 1975.
- [34] S. Ambato, V. Manuel, and O. Coronado, *Implementación de algoritmos genéticos para el estudio de afluencia y descongestiónamiento de usuarios en empresas públicas en la ciudad de Riobamba (Tesis de Maestría)*. Ambato: Pontificia Universidad Católica del Ecuador, 2019.
- [35] P. Norvig, *Paradigms of artificial intelligence programming: case studies in Common LISP*. Morgan Kaufmann, 1992.
- [36] J. A. García Mera and A. J. Zambrano Moreira, *Algoritmos genéticos paralelizados*. PhD thesis, Calceta: ESPAM MFL, 2022.
- [37] G. Tejada Muñoz, "Controlador PID con algoritmos genéticos de números reales," *Industrial data*, vol. 22, no. 2, pp. 213–223, 2019.

- [38] M. A. Játiva Baldeón and P. M. Recalde Varela, *TEMA: ESTUDIO E IMPLEMENTACIÓN DE UN ALGORITMO GENÉTICO PARA EL PROCESO DE SELECCIÓN DE PERSONAL DEL GRUPO CORPORATIVO MEP (Tesis de grado)*. Quito: Repositorio Digital Universidad Israel, 2019.
- [39] J. L. Ferretti, G. R. Cointry, and R. F. Capozza, “De la osteología a la osteomiología: tres décadas de aportes originales continuos al análisis biomecánico osteomuscular,” *Asociación Argentina de Osteología y Metabolismo Mineral*, 2018.
- [40] H. D. Trujillo Chunés, *Aplicación de algoritmos genéticos para la optimización de corte de material bidimensional rectangular (Tesis de Grado)*. Quito: Pontificia Universidad Católica del Ecuador, 2019.
- [41] S. Beovides Luis and M. González Arencibia, *Algoritmo genético para optimizar la planificación del cronograma de un proyecto de software*. PhD thesis, Universidad de las Ciencias Informáticas. Laboratorio de Gestión de Proyectos, 2016.

Anexo

Código para la obtención del CIR ideal

```
clc
clear
close all

% numero de muestras
n=1000;

% eslabones
a=65;
b=30;
c=80;
d=45;

% angulos de entrada
t1=5*pi/180;
t_as=30*pi/180;

% maxima flexion de la pierna
tr_max=120*pi/180;
```

```

t_r=linspace(0,tr_max,n);
t3=t_as+t_r;

A=(a^2+b^2-c^2+d^2)/(2*a*b)+(d/b)*cos(t1)-(d/a)*cos(t1-t3)-cos(t3);
B=2*(sin(t3)-(d/b)*sin(t1));
C=(a^2+b^2-c^2+d^2)/(2*a*b)-(d/b)*cos(t1)-(d/a)*cos(t1-t3)+cos(t3);

D=(-a^2+b^2+c^2+d^2)/(2*b*c)-d*(cos(t1-t3))/c-d*cos(t1)/b+cos(t3);
E=2*(d*sin(t1)/b-sin(t3));
F=(-a^2+b^2+c^2+d^2)/(2*b*c)-d*(cos(t1-t3))/c+d*cos(t1)/b-cos(t3);

t2=2*atan(0.5*(-B+sqrt(B.^2-4*A.*C))./A);

t4=2*atan(0.5*(-E+sqrt(E.^2-4*D.*F))./D);

Xoa=0;
Yoa=0;
Xob=d*cos(t1);
Yob=d*sin(t1);
Xa=a*cos(t2);
Ya=a*sin(t2);
Xb=Xob+c*cos(t4);
Yb=Yob+c*sin(t4);

Xb_cir=(Xob*tan(t4)-Yob)./(tan(t4)-tan(t2))-d*cos(t1)-c*cos(t4);
Yb_cir=(Xob*tan(t4)-Yob).*tan(t2)./(tan(t4)-tan(t2))-d*sin(t1)-c*sin(t4);

```

```

X_cir=Xb_cir+Xb;
Y_cir=Yb_cir+Yb;

cir(:,1)=X_cir;
cir(:,2)=Y_cir;

delete('curva.xlsx');
writematrix(cir,'curva.xlsx');

figure(1)
plot(X_cir,Y_cir)
grid on
hold on

for i=1:n
    figure(1)
    plot(X_cir(i),Y_cir(i),'*')
    hold on
end

```

Código para la función objetivo

```

function [X_cir,Y_cir]=CIR(a,b,c,d,t1,t_as,l,tr_max)

t_r=linspace(0,tr_max,l);
t3=t_as+t_r;

```

```

// Implementamos las ecuaciones 1.6 - 1.7 - 1.8
A=(a^2+b^2-c^2+d^2)/(2*a*b)+(d/b)*cos(t1)-(d/a)*cos(t1-t3)-cos(t3);
B=2*(sin(t3)-(d/b)*sin(t1));
C=(a^2+b^2-c^2+d^2)/(2*a*b)-(d/b)*cos(t1)-(d/a)*cos(t1-t3)+cos(t3);

// Implementamos las ecuaciones 1.10 - 1.11 - 1.12
D=(-a^2+b^2+c^2+d^2)/(2*b*c)-d*(cos(t1-t3))/c-d*cos(t1)/b+cos(t3);
E=2*(d*sin(t1)/b-sin(t3));
F=(-a^2+b^2+c^2+d^2)/(2*b*c)-d*(cos(t1-t3))/c+d*cos(t1)/b-cos(t3);

// Implementamos las ecuaciones 1.5 y 1.9
t2=2*atan(0.5*(-B+sqrt(B.^2-4*A.*C))./A);
t4=2*atan(0.5*(-E-sqrt(E.^2-4*D.*F))./D);

//Colocamos las coordenadas de los cuatro puntos del mecanismo
Xoa=0;
Yoa=0;
Xob=d*cos(t1);
Yob=d*sin(t1);
Xa=a*cos(t2);
Ya=a*sin(t2);
Xb=Xob+c*cos(t4);
Yb=Yob+c*sin(t4);

Xb_cir=(Xob*tan(t4)-Yob)./(tan(t4)-tan(t2))-d*cos(t1)-c*cos(t4);
Yb_cir=(Xob*tan(t4)-Yob).*tan(t2)./(tan(t4)-tan(t2))-d*sin(t1)-c*sin(t4);

// Coordenadas del punto del CIR
X_cir=Xb_cir+Xb;

```

```
Y_cir=Yb_cir+Yb;
```

```
end
```

Código del algoritmo genético

```
clc
clear
close all

% maxima flexion de la pierna
tr_max=120*pi/180;

% poblacion inicial
n=1000; % individuos
nc=6; % numero de cromosomas

PI=rand(nc,n);% poblacion inicial
PI(1,:)=20+60*PI(1,:);
PI(2,:)=20+20*PI(2,:);
PI(3,:)=20+60*PI(3,:);
PI(4,:)=20+40*PI(4,:);
PI(5,:)=(pi/4)*PI(5,:);
PI(6,:)=(35*pi/180)*PI(6,:);

ng=80;% numero de generaciones

cir_ideal=readmatrix('curva.xlsx');% curva deseada
```

```

for cg=1:ng %cg=conteo de generaciones
    J=zeros(1,n);%Error del CIR de la poblacion
    for k=1:n
        J(k)=E_CIR(cir_ideal,PI(:,k),tr_max);
    end
    [Jo, Ji]=sort(J);
    PIO=PI(:,Ji);%Poblacion inicial ordenada
    np=zeros(nc,n);% creo una nueva poblacion

    % elite 50 individuos
    np(:,1:50)=PIO(:,1:50);
    % mutacion 250 individuos
    for k=1:250
        np(:,50+k)=PIO(:,k);
        aux=randi(nc);
        if aux==1||aux==3
            np(aux,50+k)=20+60*rand;% modifico un cromosoma de manera aleatoria
        elseif aux==2
            np(aux,50+k)=20+20*rand;
        elseif aux==4
            np(aux,50+k)=20+40*rand;
        elseif aux==5
            np(aux,50+k)=(pi/4)*rand;
        elseif aux==6
            np(aux,50+k)=(35*pi/180)*rand;
        end
    end
end

```

```

% cruce 700 individuos
for k=1:700
    ind1=PI(:,randi(n));% individuo 1
    ind2=PI(:,randi(n));
    ind3=PI(:,randi(n));
    ind4=PI(:,randi(n));
    ind5=PI(:,randi(n));
    ind6=PI(:,randi(n));% individuo 6
    np(:,300+k)=[ind1(1);ind2(2);ind3(3);ind4(4);ind5(5);ind6(6)];
end
PI=np;
end

K=PI(:,1)
a=K(1);
b=K(2);
c=K(3);
d=K(4);
t1=K(5);
t_as=K(6);

X_cir_i(1,:)=cir_ideal(:,1);
Y_cir_i(1,:)=cir_ideal(:,2);

l=length(X_cir_i);
[X_cir,Y_cir]=CIR(a,b,c,d,t1,t_as,l,tr_max);

figure(1)
plot(X_cir_i,Y_cir_i);

```

```

ylim([-5 1.05*max(Y_cir_i)])
hold on
grid on

for i=1:l
    figure(1)
    plot(X_cir(i),Y_cir(i),'.')
    hold on
    pause(0.01)
    r_i=sqrt(X_cir_i(i)^2+Y_cir_i(i));
    r_med=sqrt(X_cir(i)^2+Y_cir(i));
    er(i)=abs((r_i-r_med)/r_i);
end

```

```
ET=100*sum(er)/l
```

Código para obtener el error porcentual (Validación)

```

function J=E_CIR(cir_ideal,k,tr_max)
a=k(1);
b=k(2);
c=k(3);
d=k(4);
t1=k(5);
t_as=k(6);

X_cir_i(1,:)=cir_ideal(:,1);
Y_cir_i(1,:)=cir_ideal(:,2);

```

```

n=length(X_cir_i);

t_r=linspace(0,tr_max,n);
t3=t_as+t_r;

A=(a^2+b^2-c^2+d^2)/(2*a*b)+(d/b)*cos(t1)-(d/a)*cos(t1-t3)-cos(t3);
B=2*(sin(t3)-(d/b)*sin(t1));
C=(a^2+b^2-c^2+d^2)/(2*a*b)-(d/b)*cos(t1)-(d/a)*cos(t1-t3)+cos(t3);

D=(-a^2+b^2+c^2+d^2)/(2*b*c)-d*(cos(t1-t3))/c-d*cos(t1)/b+cos(t3);
E=2*(d*sin(t1)/b-sin(t3));
F=(-a^2+b^2+c^2+d^2)/(2*b*c)-d*(cos(t1-t3))/c+d*cos(t1)/b-cos(t3);

t2=2*atan(0.5*(-B+sqrt(B.^2-4*A.*C))./A);
t4=2*atan(0.5*(-E-sqrt(E.^2-4*D.*F))./D);

Xoa=0;
Yoa=0;
Xob=d*cos(t1);
Yob=d*sin(t1);
Xa=a*cos(t2);
Ya=a*sin(t2);
Xb=Xob+c*cos(t4);
Yb=Yob+c*sin(t4);

Xb_cir=(Xob*tan(t4)-Yob)./(tan(t4)-tan(t2))-d*cos(t1)-c*cos(t4);
Yb_cir=(Xob*tan(t4)-Yob).*tan(t2)./(tan(t4)-tan(t2))-d*sin(t1)-c*sin(t4);

```

```

X_cir=Xb_cir+Xb;
Y_cir=Yb_cir+Yb;

%plot(X_cir,Y_cir);
for i=1:n
    E_x=X_cir_i(i)-X_cir(i);
    E_y=Y_cir_i(i)-Y_cir(i);
    E(i)=sqrt(E_x^2+E_y^2);
    t(i)=i-1;
end
E=E.^2;
E1=E(2:end-1);
J=(t(end)/(2*length(t)))*(E(1)+2*sum(E1)+E(end));
end

```