

Universitat Politècnica de Catalunya
Dep. Teoria del Senyal i Comunicacions
E.T.S. d'Enginyeria de Telecomunicació

**MÉTODOS NUMÉRICOS PARA APLICACIONES BIOMÉDICAS:
PROBLEMAS DIRECTO E INVERSO ELECTROMAGNÉTICOS**

Jordi J. Mallorquí Franquet
Director: Antoni Broquetas Ibars

Tesi Doctoral presentada a la
Universitat Politècnica de Catalunya
per a l'obtenció del títol de Doctor
Enginyer de Telecomunicació.

Barcelona, Febrer 1995.

4.4 ALGORITMO DE PRIMER ORDEN MULTIFRECUENCIA BASADO EN LA APROXIMACIÓN DE BORN

Los resultados obtenidos con el algoritmo de recubrimiento espectral monofrecuencia están fuertemente limitados por el cumplimiento de la hipótesis de Born. En aplicaciones biológicas la función contraste reconstruida es, en el mejor de los casos, cualitativa, es decir puede distinguirse la distribución de contraste del objeto, aunque sus valores sean erróneos. Puede suponerse que si se combinan medidas a distintas frecuencias la información relacionada con las características del objeto medido estará correlada en todas ellas, mientras que los errores no tiene porque estarlo, o si lo están en menor medida. A continuación se presentan dos métodos para mejorar el comportamiento de la aproximación de Born mediante la inclusión de información multifrecuencia.

4.4.1 Combinación espacial de la información multifrecuencia

En trabajos relacionados con aplicaciones no biomédicas se observó que la combinación de contrastes reconstruidos a distintas frecuencias permitía mejorar la calidad final de las imágenes. Este primer algoritmo trata las medidas a cada frecuencia como casos independientes y únicamente al final se combinan los contrastes. Al sumar las funciones contraste obtenidas a distintas frecuencias se pueden acentuar las variaciones entre tejidos. Este procedimiento es útil para la detección de transiciones abruptas, aunque tampoco permite la reconstrucción cuantitativa de los tejidos. La única restricción a imponer es que las distintas distribuciones de contraste tengan las mismas dimensiones absolutas. No es necesario que las permitividades se mantengan constantes con la frecuencia, ya que únicamente se pretende posicionar las transiciones, descartándose de partida la posibilidad de obtener valores reales de contraste.

La respuesta impulsional del algoritmo puede obtenerse de forma muy sencilla mediante superposición: cada una de las frecuencias proporciona una respuesta impulsional, como se vio en (4.36), y la del sistema es la suma ponderada de todas ellas.

$$h(\vec{r}) = \frac{1}{N_{frec}} \sum_{n=1}^{N_{frec}} \frac{k_{0,n}}{\pi} \frac{J_1(2k_{0,n}|\vec{r}|)}{|\vec{r}|} \quad (4.49)$$

La resolución del sistema empeora respecto la frecuencia más alta, pero mejora respecto la más baja. Los resultados obtenidos indican que el método funciona, lógicamente, en aquellos casos en los que las distintas medidas aportan información.

4.4.2 Combinación espectral de la información multifrecuencia

Partiendo de la idea anterior, se ha desarrollado una variante del algoritmo de Born que ya combina la información multifrecuencia en el dominio espectral, antes de realizar la inversión que proporciona el contraste. A nivel teórico, no existen restricciones en el número de frecuencias a utilizar ni la relación entre ellas, aunque a nivel práctico se verá que sí.

Los campos dispersados multivista, convolucionados con las corrientes que sintetizan las ondas planas en emisión y en recepción, proporcionan información de puntos discretos del dominio transformado del objeto. Si se utiliza información multivista, es imprescindible que esa información espectral corresponda al mismo objeto. Los dieléctricos, especialmente los tejidos biológicos, presentan una fuerte dependencia con la frecuencia en la zona de las microondas, esto limita el margen máximo de frecuencias a utilizar. Pequeñas variaciones de permitividad no afectan demasiado.

La implementación del algoritmo se ha realizado utilizando únicamente dos frecuencias distintas, aunque la extensión a más pulsaciones es sencilla. Su forma de procesar los datos de entrada es muy parecida al algoritmo tradicional. En primer lugar, los campos dispersados a cada una de las frecuencias se procesan por separado, como en el caso monofrecuencia. Mediante la interpolación "zero-padding", se aumenta la densidad de información para cada frecuencia, pero al hacer la interpolación bilineal, se define una única malla de dimensión $Q \times Q$, dimensionada a la frecuencia más elevada, aquella que llega a proporcionar información de las zonas más altas del espectro. La Fig. 4.11 muestra la distribución de información obtenida mediante las dos frecuencias sobre la malla rectangular.

En las frecuencias inferiores, y a medida que se hacen más bajas, se dispone de una mayor densidad de puntos para realizar la interpolación, con lo que ésta es más precisa. Pero también al ser frecuencias menores, con lo que el objeto es menor en términos de longitud de onda, se cumple mejor la aproximación de Born y los errores son menores.

Si se toman los puntos interpolados de la parte baja del espectro de las medidas de menor frecuencia, y se va cubriendo la malla con la información de las sucesivas frecuencias en orden creciente, se puede obtener el espectro final, que mediante FFT inversa, proporciona la función contraste buscada. Las frecuencias bajas proporcionan mejor información de las variaciones suaves del objeto, mientras que las frecuencias altas permiten localizar las variaciones bruscas de contraste en el mismo, aunque los valores reconstruidos sean erróneos.

un sistema trabajando a dos frecuencias, $f_l = 1.25$ GHz y $f_h = 2.33$ GHz, con 64 antenas en la agrupación situada a 10 cm, y medio externo agua. Se presenta la parte real de permitividad de las reconstrucciones monofrecuencia y el resultado de la combinación espectral y espacial de la información multifrecuencia. En ambos casos, se mejoran las imágenes iniciales, aunque esa mejora tampoco permite obtener los valores reales de permitividad. También puede observarse que la combinación espectral produce imágenes de calidad ligeramente superior a la combinación espacial. Para cuerpos más grandes y complejos no se han conseguido mejoras, al ser muy errónea la información inicial monofrecuencia. Puede suponerse que el algoritmo multifrecuencia podría mejorar las imágenes diferenciales, donde el algoritmo monofrecuencia ya proporcionaba resultados aceptables.

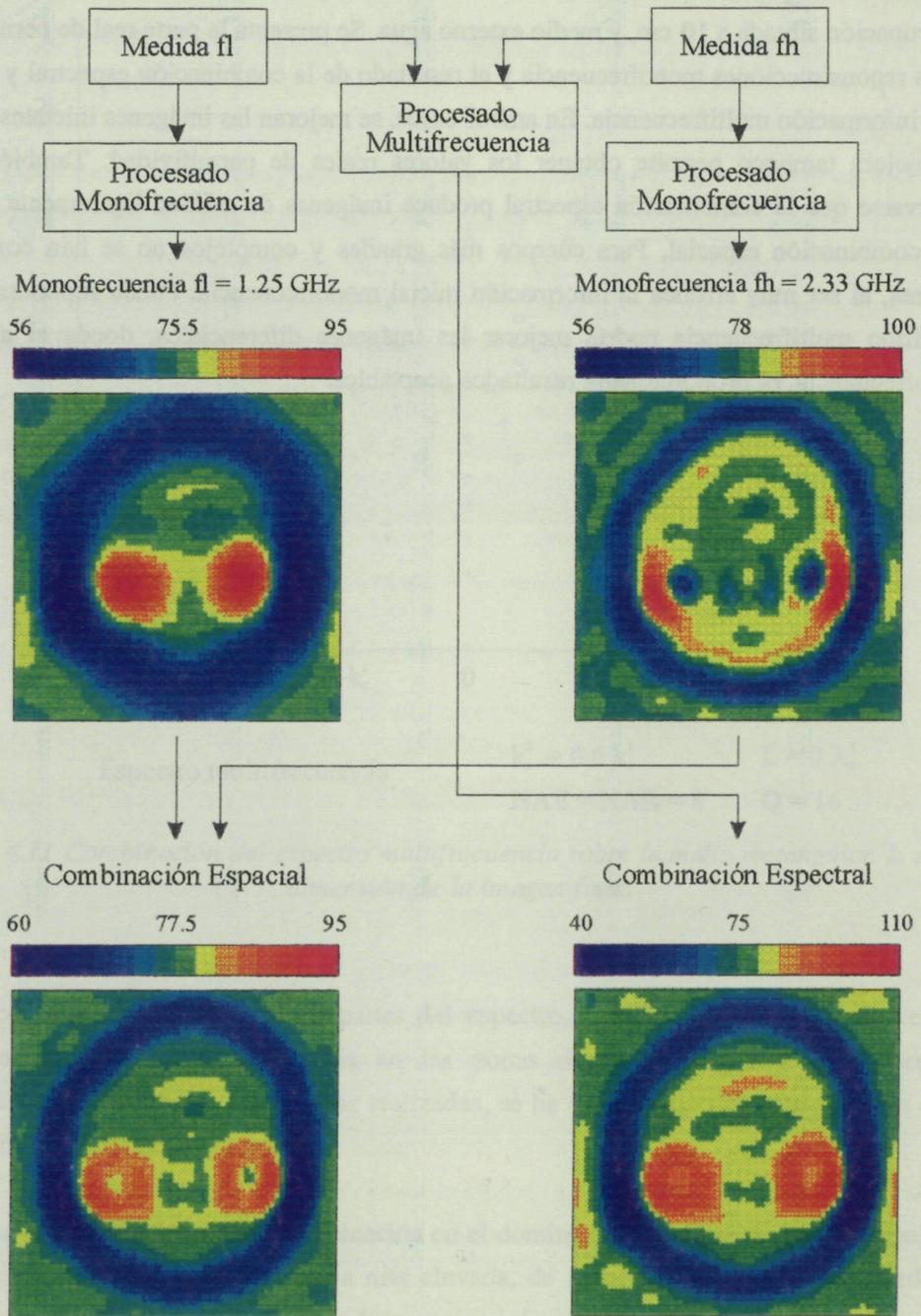


Fig. 4.12 Reconstrucción multifrecuencia de un antebrazo humano {Ap. B.5}.

MÉTODO DE OPTIMIZACIÓN ITERATIVA

5.1 INTRODUCCIÓN

En el capítulo anterior se presentó un algoritmo de reconstrucción de imágenes para tomografía de microondas basado en la aproximación de Born. El precio pagado por su sencillez computacional era la incorrecta reconstrucción de objetos de elevado contraste como era el caso de los cuerpos biológicos. Por ello se hace necesario buscar algoritmos más complejos que permitan su reconstrucción. Una mejora del algoritmo de Born es el llamado "Distorted Born Iterative Method" (Método Iterativo de Born Distorsionado) [Chew '90c], pretende compensar el incumplimiento de la aproximación de Born mediante un proceso iterativo que lleva a refinar la aproximación inicial de contraste mediante la resolución del problema directo y modificando la función de Green del mismo. Pruebas realizadas con medidas reales del prototipo experimental del grupo no mostraron una gran mejora [Lin '93].

Las grandes limitaciones de la aproximación de Born hacen indispensable la búsqueda de otras filosofías para atacar el problema. En este capítulo se presenta un algoritmo iterativo que pretende superarlas pagando el precio de un mayor coste computacional. La gran ventaja del algoritmo es que a pesar de ser iterativo no necesita recalcular cada vez el problema directo, con lo que la carga computacional no se incrementa en exceso. El proceso de optimización en el que se basa limita su aplicabilidad a cuerpos de tamaño moderado, aunque sus prestaciones son muy superiores a Born. Al mismo tiempo, se muestra su utilidad para mejorar la calidad de la información "a priori" obtenida en {Cap. 4} al poder encontrar a partir de la información de contorno de un cuerpo el valor promedio de permitividad que más se ajusta a los campos dispersados.

5.2 MÉTODO DE OPTIMIZACIÓN ITERATIVA

Como ya se ha comentado anteriormente, una de las dificultades intrínsecas al problema inverso es el desconocimiento de gran parte de las variables que en él intervienen. Los datos iniciales de partida siempre son los campos dispersados medidos en una zona limitada del espacio, generalmente circular, situada alrededor del objeto y el campo incidente en la posición del objeto que puede calcularse analíticamente. Basándose en el buen resultado de los algoritmos de sobrerelajación [Kleinman '90a] para el cálculo del problema directo se decidió aplicar una técnica parecida al problema inverso. El método se basa en transformar el problema inverso en un problema iterativo de optimización, donde la función coste se evalúa en los dos dominios en los que hay datos conocidos, tal como muestra la Fig. 5.1.

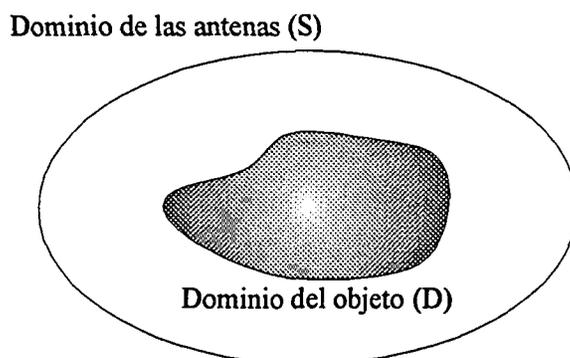


Fig. 5.1 Dominios de evaluación de las funciones coste: errores en el campo incidente sobre el dominio del objeto (D) y del dispersado en el dominio de las antenas (S).

El primer dominio, al que se denomina D , es el del objeto y en él se minimiza el error en la estimación del campo incidente en función del campo difractado y contraste calculados. El

segundo dominio, S , es el de las antenas receptoras y en él se minimiza el error en la estimación del campo dispersado medido. Aplicando técnicas de búsqueda de direcciones de optimización y minimización de funciones multidimensionales, se pueden ir refinando de forma iterativa tanto las estimaciones iniciales de contraste como las de campo total, para que cada vez se ajusten mejor a los datos conocidos del problema. Al realizarse el proceso de optimización sobre dos dominios distintos, se introducen dos parámetros de relajación complejos, a determinar en cada iteración, de forma que minimicen de forma simultánea los errores en ambos dominios. La gran ventaja de este algoritmo es que mediante este proceso no es necesario resolver el problema directo en cada iteración, proceso que como se ha visto es siempre computacionalmente costoso. Al mismo tiempo, en su planteamiento no se realiza ningún tipo de aproximación con lo que, en principio, no deberían existir limitaciones en cuanto a su aplicación. Los resultados para problemas unidimensionales [Kleinman '90b], distribuciones bidimensionales de contraste en aire [Kleinman '91] [Kleinman '92] [Kleinman '93] y cuerpos biológicos sencillos [Mallorquí '93] mostraban el buen comportamiento del algoritmo. A nivel práctico, se le han encontrado limitaciones si se intenta reconstruir cuerpos biológicos eléctricamente grandes.

5.2.1 Formulación del algoritmo

Las ecuaciones vistas en {2.2}, que caracterizan matemáticamente al problema electromagnético, para el caso TM multivista tienen la siguiente expresión

$$E_i(\vec{r}) = E_i^{inc} - k_0^2 \int_D C(\vec{r}') E_i(\vec{r}') G(k_0 |\vec{r} - \vec{r}'|) d\vec{r}' ; \begin{cases} \vec{r} \in D \\ i = 1..NAE \end{cases} \quad (5.1)$$

para los campos difractados sobre el objeto, y

$$E_i^{med}(\vec{r}) = - k_0^2 \int_D C(\vec{r}') E_i(\vec{r}') G(k_0 |\vec{r} - \vec{r}'|) d\vec{r}' ; \begin{cases} \vec{r} \in S \\ i = 1..NAE \end{cases} \quad (5.2)$$

para los campos dispersados medidos en la agrupación de antenas receptoras. NAE es el número de antenas emisoras y determina el número de vistas disponibles.

La Fig. 5.2 muestra la geometría del problema y parte de la nomenclatura que se utiliza a lo largo de los desarrollos matemáticos. Una vez más, se supone que el número de antenas receptoras activas en cada vista, NAR , no tiene porque coincidir con el total de posibles antenas emisoras, NAE , tal como sucede en un tomógrafo real.

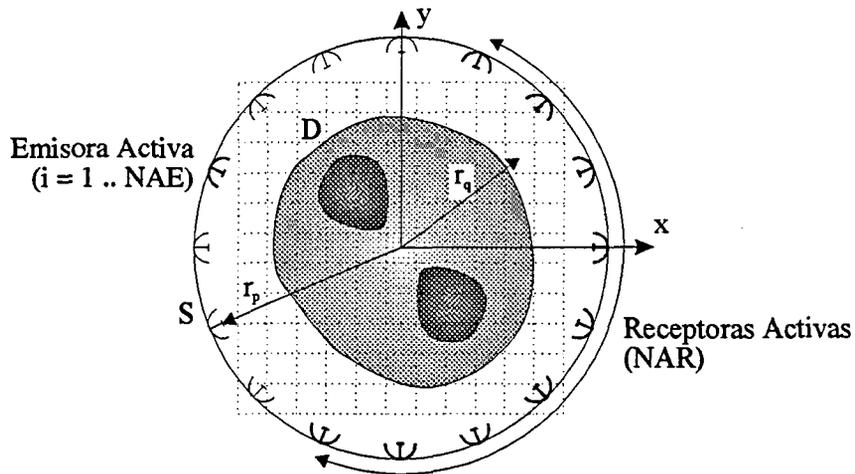


Fig. 5.2 Geometría del problema. El número total de antenas emisoras (NAE) puede ser distinto al de receptoras (NAR) activas para cada vista.

Si se considera al campo difractado y al contraste como variables independientes, las ecuaciones anteriores pueden tratarse como funciones de dos variables y expresarse como operadores. De esa forma (5.1) puede reescribirse como

$$E_i - G(C)E_i = E_i^{inc} \quad ; \quad i = 1 \dots NAE \quad (5.3)$$

y (5.2) como

$$K(C)E_i = E_i^{med} \quad ; \quad i = 1 \dots NAE \quad (5.4)$$

Ambos operadores proporcionan a partir de las incógnitas, contraste y campo total, una aproximación a los datos de partida del problema inverso, campo incidente y campo dispersado medido. El problema inverso consiste en la inversión de (5.4), pero de forma que también se cumpla (5.3).

Para cada uno de los dos dominios, considerados matemáticamente como espacios vectoriales, es necesario definir un producto interno y una norma a utilizar durante el desarrollo del algoritmo. En el dominio del objeto, $L^2(D)$, se define el producto interno de Hilbert

$$\langle E_{i,1}, E_{i,2} \rangle_D = \int_D E_{i,1}(\vec{r}') E_{i,2}^*(\vec{r}') d\vec{r}' \quad (5.5)$$

cuya norma asociada es

$$\|E_i\|_D = \left\{ \int_D |E_i(\vec{r}')|^2 d\vec{r}' \right\}^{\frac{1}{2}} \quad (5.6)$$

De la misma manera, para el dominio de las antenas receptoras, $L^2(S)$, puede definirse el producto interno de Hilbert

$$\begin{aligned} \langle E_{i,1}, E_{i,2} \rangle_S &= \int_S E_{i,1}(\vec{r}') E_{i,2}^*(\vec{r}') d\vec{r}' \quad \text{si } S \text{ es una línea o superficie cerrada} \\ &= \sum_{j=1}^{NAR} E_{i,1}(\vec{r}_j) E_{i,2}^*(\vec{r}_j) \quad \text{si } S \text{ es un conjunto discreto de puntos} \end{aligned} \quad (5.7)$$

siendo NAR el número de antenas receptoras activas para cada vista. Del mismo modo, su norma asociada es

$$\begin{aligned} \|E_i\|_S &= \left\{ \int_S |E_i(\vec{r}')|^2 d\vec{r}' \right\}^{\frac{1}{2}} \quad \text{si } S \text{ es una línea o superficie cerrada} \\ &= \left\{ \sum_{j=1}^{NAR} |E_i(\vec{r}_j)|^2 \right\}^{\frac{1}{2}} \quad \text{si } S \text{ es un conjunto discreto de puntos} \end{aligned} \quad (5.8)$$

5.2.2 Funcionales a minimizar: errores en los dominios

En el dominio del objeto, D , el error en cada iteración viene dado por el error en la estimación del único dato conocido sobre ese dominio: el campo incidente. Se define un vector error, $r_{i,n}$, para cada vista, i , e iteración, n

$$r_{i,n} = E_i^{inc} - E_{i,n} + G(C_n)E_{i,n} \quad ; \quad n \text{ número de la iteración} \quad (5.9)$$

cuya norma al cuadrado normalizada a la del campo incidente para todas las vistas proporciona el primero de los funcionales a minimizar

$$F_n^D = \frac{\sum_{i=1}^{NAE} \|E_i^{inc} - E_{i,n} + G(C_n)E_{i,n}\|_D^2}{\sum_{i=1}^{NAE} \|E_i^{inc}\|_D^2} = \frac{\sum_{i=1}^{NAE} \|r_{i,n}\|_D^2}{\sum_{i=1}^{NAE} \|E_i^{inc}\|_D^2} \quad (5.10)$$

Del mismo modo, en el dominio de las antenas receptoras, S , el error en la estimación del

campo dispersado puede expresarse como

$$\rho_{i,n} = E_i^{med} - K(C_n)E_{i,n} \quad ; \quad n \text{ número de la iteración} \quad (5.11)$$

cuya norma al cuadrado normalizada a la del campo dispersado medido, proporciona el segundo funcional a minimizar

$$F_n^S = \frac{\sum_{i=1}^{NAE} \|E_i^{med} - K(C_n)E_{i,n}\|_S^2}{\sum_{i=1}^{NAE} \|E_i^{med}\|_S^2} = \frac{\sum_{i=1}^{NAE} \|\rho_{i,n}\|_S^2}{\sum_{i=1}^{NAE} \|E_i^{med}\|_S^2} \quad (5.12)$$

Como se desea reducir el error simultáneamente en ambos dominios, se define un funcional que engloba a los dos anteriores. Puede observarse que, debido al proceso de normalización en su cálculo, ambos tienen el mismo peso en el funcional resultante.

$$F_n = F_n^D + F_n^S = \frac{\sum_{i=1}^{NAE} \|E_i^{inc} - E_{i,n} + G(C_n)E_{i,n}\|_D^2}{\sum_{i=1}^{NAE} \|E_i^{inc}\|_D^2} + \frac{\sum_{i=1}^{NAE} \|E_i^{med} - K(C_n)E_{i,n}\|_S^2}{\sum_{i=1}^{NAE} \|E_i^{med}\|_S^2} \quad (5.13)$$

5.2.3 Discretización de los operadores

Para poder desarrollar correctamente el algoritmo hay que discretizar las ecuaciones involucradas mediante el método de los momentos, {2.6}. Al actuar sobre dos dominios distintos, deben existir dos conjuntos de funciones base y peso. Se define un conjunto de funciones base en el dominio del objeto, $\{\phi_m(r_q), r_q \in D\}_{m=1}^N$, donde N es el número total de celdas en que se ha discretizado ese dominio y r_q su centro; y otro conjunto $\{\psi_j(r_p), r_p \in S\}_{j=1}^{NAE}$ en el dominio de las antenas. Es necesario considerar que en un caso real los campos dispersados se miden únicamente en puntos discretos del dominio de las antenas, por lo tanto con esta restricción es lógico expandir los campos en ese dominio, S , mediante funciones delta, $\psi_j(r_p) = \delta(r_p - r_{p_j})$.

En el dominio del objeto, la elección del conjunto de funciones base es la misma que en el caso TM bidimensional, {3.3}. La elección de funciones pulso, $\psi_j(r_q) = \Pi(r_q - r_{q_m})$, junto con un mallado regular del dominio de reconstrucción permiten la aplicación de técnicas FFT para optimizar el cálculo del operador en el dominio del objeto, $G(\cdot)$. Se ha escogido este

conjunto de funciones base ya que pueden representar al caso más general. En otro tipo de aplicaciones, en las que se conozca mucha más información del objeto a reconstruir, se podría discretizar el dominio de reconstrucción mediante un mallado adaptado a su forma, e incluso a sus distintas distribuciones de contraste.

Las funciones peso para ambos dominios son funciones delta, por ser las que más simplifican los cálculos y haber demostrado su buen comportamiento en {3.3}.

5.2.4 Planteamiento del proceso iterativo

El proceso iterativo presenta el siguiente esquema. Primero se parte de las estimaciones iniciales de contraste y campo total. A falta de más información, se suele tomar el campo total igual al incidente y la distribución de contraste inicial igual a cero. En muchas aplicaciones puede suceder que sí se disponga de información a priori del objeto, por ejemplo su forma o permitividad media, en este caso, la introducción en el algoritmo de esa información puede mejorar su comportamiento, tal como se verá en {5.5}.

$$E_{i,0} = E_i^{inc} \quad C_0 = 0 \quad (\text{o información a priori}) \quad (5.14)$$

La actualización iterativa del campo difractado y de la función contraste se realiza según el esquema

$$\begin{aligned} E_{i,n} &= E_{i,n-1} + \alpha_n v_{i,n} & C_n &= C_{n-1} + \beta_n d_n \\ r_{i,n} &= E_i^{inc} - E_{i,n} + G(C_n) E_{i,n} & \rho_{i,n} &= E_i^{med} - K(C_n) E_{i,n} \end{aligned} \quad (5.15)$$

donde $v_{i,n}$, d_n son las direcciones de actualización para la presente iteración, y α_n , β_n los parámetros de relajación complejos que minimizan el funcional, F_n . Las ecuaciones de los errores en los dos dominios, (5.15), pueden reescribirse de forma que F_n dependa únicamente de α_n , β_n y, lógicamente, de las direcciones de actualización. Sustituyendo los nuevos valores de campo difractado y contraste en las expresiones de los errores de cada dominio, se obtienen las siguientes fórmulas recursivas

$$r_{i,n} = r_{i,n-1} - \alpha_n v_{i,n-1} + \alpha_n G(C_{n-1}) v_{i,n-1} + \beta_n G(d_n) E_{i,n-1} + \alpha_n \beta_n G(d_n) v_{i,n-1} \quad (5.16)$$

para el error en el campo incidente, y

$$\rho_{i,n} = \rho_{i,n-1} - \beta_n K(d_n) E_{i,n-1} - \alpha_n K(C_{n-1}) v_{i,n-1} - \alpha_n \beta_n K(d_n) v_{i,n-1} \quad (5.17)$$

para el error en el campo dispersado.

Una vez definido el proceso iterativo a seguir, falta definir los procedimientos para encontrar, en primer lugar, las direcciones de optimización en cada iteración, y en segundo lugar, un método eficiente para obtener los valores de los dos parámetros de relajación que minimicen el funcional.

5.3 DIRECCIONES DE ACTUALIZACIÓN

Una vez planteado el esquema del algoritmo, es necesario determinar que direcciones de actualización se utilizan durante el proceso de optimización que permite la obtención de los coeficientes α_n y β_n . En la literatura aparecen muchos métodos para obtener en procesos iterativos esas direcciones que deben conducir al algoritmo hacia el mínimo del funcional. De entre ellos a continuación se presentan los que se han probado en el algoritmo.

5.3.1 Método de sobrerrelajación

Es la opción más sencilla, y al mismo tiempo la más ineficiente. Consiste en utilizar como nueva dirección de optimización lineal para cada iteración el vector error obtenido en la iteración anterior. El método funciona para problemas de pequeña dimensión, pero en el caso de problemas grandes y con contrastes muy inhomogéneos no proporciona una buena convergencia [Sarkar '81a].

Dado un problema general del tipo

$$L(u) = f \quad (5.18)$$

del que se pretende encontrar una aproximación a u de forma iterativa mediante el siguiente esquema

$$\begin{aligned} u_0 & \text{ arbitrario} \\ u_n & = u_{n-1} + \alpha_n v_n \quad n \geq 1 \end{aligned} \quad (5.19)$$

donde el residual que proporciona el error en cada iteración viene dado por

$$r_n = f - L(u_n) = r_{n-1} - \alpha_n L(v_n) \quad n \geq 1 \quad (5.20)$$

el valor de la actualización como el del error pueden obtenerse de forma recursiva

$$\begin{aligned} u_n &= u_0 + \sum_{m=1}^n \alpha_m v_m \\ r_n &= r_0 - \sum_{m=1}^n \alpha_m L(v_m) \end{aligned} \quad (5.21)$$

Las llamadas iteraciones de Neumann o de Picard-Poincare-Neumann toman el parámetro de relajación α_n como la unidad. Para este caso particular puede obtenerse, suponiendo una representación matricial de los operadores, que

$$\begin{aligned} u_n &= \sum_{m=0}^{n-1} (\bar{I} - \bar{L})^m \cdot f + (\bar{I} - \bar{L})^n \cdot u_0 \\ r_n &= (\bar{I} - \bar{L})^n \cdot r_0 \end{aligned} \quad (5.22)$$

La convergencia del procedimiento dependerá de que $\sigma(\bar{I} - \bar{L}) < 1$ [Zwamborn '91a]. En general, para problemas electromagnéticos este método no presenta una buena convergencia, aunque si se deja variable el parámetro de relajación, ésta puede aumentarse.

Los sucesivos métodos que se presentan pueden considerarse una generalización de la iteración de Neumann en la que se ha refinado la búsqueda de la dirección de actualización y del parámetro de relajación, cuya elección se orienta a la minimización del error $\|r_n\|$ en la aproximación de u .

5.3.2 Método del gradiente

Otro de los métodos más antiguos, y al mismo tiempo más evidente, es utilizar la dirección del gradiente del punto donde nos encontremos para dirigirnos hacia un mínimo. Este método es normalmente conocido como método del descenso de mayor pendiente (en inglés "steepest descent") o método del gradiente; es de gran importancia teórica, pues es uno de los más sencillos para los que existe un análisis satisfactorio y sirve de base a otros métodos más sofisticados.

Dado un problema y su representación matricial

$$f = L(u) \quad \rightarrow \quad f = \bar{L} \cdot u \quad (5.23)$$

cuya solución implica la minimización de un funcional cuadrático

$$F(u) = \langle r, \bar{S} \cdot r \rangle \quad (5.24)$$

con \bar{S} un operador hermítico definido positivo, y $r = f - \bar{L} \cdot u$ el vector residuo de la aproximación de la solución. Si partiendo de la aproximación de la solución en un punto, u_0 , se desea reducir el funcional en una determinada dirección, d_0 , puede demostrarse que el funcional es cuadrático para $F(u_0 + \alpha_0 d_0)$, ya que es un polinomio de segundo grado en α_0 . Dados los dos vectores u_0 y d_0 , puede encontrarse el valor de α_0 que minimice el funcional en la dirección dada. De forma iterativa pueden encontrarse las sucesivas aproximaciones a la solución buscada

$$u_{n+1} = u_n + \alpha_n d_n \quad (5.25)$$

La elección de las sucesivas direcciones de actualización depende del espacio en el que se quiere minimizar el funcional. Uno de los más utilizados es aquel en que la minimización se realiza sobre el rango de \bar{L} ; para ello, se toma el operador \bar{S} como el operador identidad [Sarkar '82]. La mejor elección de la dirección de actualización sería la del error, $u_{exacto} - u_n$, pero al no conocerse la solución exacta se toma la del gradiente conjugado en u_n

$$d_n = -\nabla F(u_n) = \bar{L}^* \cdot r_n \quad (5.26)$$

Puede demostrarse derivando el funcional e igualando a cero, que la distancia a recorrer en la dirección del gradiente para encontrar el mínimo en esa dirección viene dada por

$$\alpha_n = \frac{\langle \bar{L}^* \cdot r_n, \bar{L}^* \cdot r_n \rangle}{\langle \bar{L} \cdot \bar{L}^* \cdot r_n, \bar{L} \cdot \bar{L}^* \cdot r_n \rangle} \quad (5.27)$$

El método tiene una sencilla interpretación geométrica, las curvas de nivel de $F(u)$ son una familia de elipsoides centrados en el punto solución. Los elipsoides son N-dimensionales con los ejes en las direcciones de los N-vectores propios mutuamente ortogonales de \bar{L} . El eje correspondiente al i-ésimo vector propio tiene longitud proporcional a $1/\lambda_i$. La estimación inicial de la solución, u_0 , se encuentra situada sobre uno de ellos. Desde este punto se

desplaza en la dirección de su gradiente una distancia que alcanza el mínimo del funcional en esa dirección. El método se va repitiendo de forma iterativa hasta alcanzar el mínimo global del funcional. En la Fig. 5.3 se ilustra una sucesión típica desarrollada por el proceso en un caso bidimensional. Gráficamente ya se intuye que la velocidad de convergencia del proceso depende de la razón de las longitudes de los ejes de los contornos elípticos de la función, es decir de la excentricidad de los elipsoides, y de la mayor o menor fortuna en la elección del punto de partida. El principal problema de este método reside que en algunos casos la convergencia puede ser muy lenta [Numerical '89].

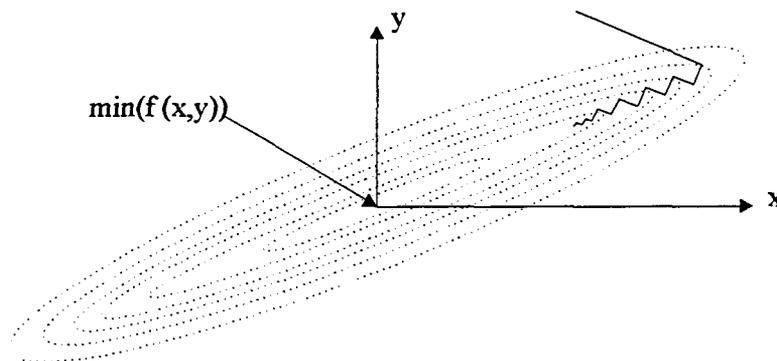


Fig. 5.3 Método del gradiente para un caso bidimensional a lo largo de un "valle" estrecho, se observa que se necesitarán muchas iteraciones para alcanzar el mínimo

En {A.1} se encuentra una demostración matemática más amplia para matrices del método de las direcciones conjugadas. El método es extensible, como se verá en {5.4.2}, a funciones no cuadráticas mediante la utilización del hessiano de la función, ya que en la vecindad del punto solución todo problema es aproximadamente cuadrático. Otras referencias interesantes sobre la teoría del método, además de las ya citadas, son [Hestenes '80], [Luenberger '89] y [Numerical '89].

5.3.3 Método del gradiente conjugado

Una mejora del método anterior consiste en construir la nueva dirección de optimización para cada punto a partir de la información de su gradiente junto con la información acumulada de las direcciones previas. Los sucesivos vectores dirección se obtienen como una versión conjugada de los sucesivos gradientes obtenidos, de esta forma, en cada iteración se evalúa el gradiente de la función en el punto y se le suma una combinación lineal de los vectores dirección anteriores para obtener un vector de dirección conjugada nuevo en el que moverse.

Este es el método del gradiente conjugado.

Considerando el funcional definido en (5.24) y minimizándolo en el rango de \bar{L} , los sucesivos términos de dirección se escogen de forma que, en cada iteración, el nuevo gradiente sea ortogonal a todas y cada una de las direcciones anteriores

$$\langle \nabla F(u_{n+1}), d_i \rangle = 0 \quad i \leq n$$

Esta condición implica que la nueva dirección sea perpendicular al subespacio generado por todos los vectores dirección con los que se ha minimizado el error en las iteraciones anteriores. Como el funcional únicamente puede minimizarse en un subespacio de N dimensiones, con N iteraciones se llegará a un punto en el que la proyección del gradiente dentro de ese subespacio sea nula, siendo entonces u_N la solución del problema.

Puede demostrarse que para problemas cuadráticos las direcciones de actualización se obtienen mediante [Sarkar '85]

$$d_n = \bar{L}^* \cdot r_{n-1} + \beta_n d_{n-1} \quad (5.29)$$

siendo

$$\beta_n = \frac{\langle \bar{L}^* \cdot r_n, \bar{L}^* \cdot r_n \rangle}{\langle \bar{L}^* \cdot r_{n-1}, \bar{L}^* \cdot r_{n-1} \rangle} \quad (5.30)$$

Un análisis más extenso del método para matrices se encuentra en {A.2}, donde se presenta también el desarrollo completo del gradiente conjugado para la solución de sistemas de ecuaciones lineales.

Para funciones no cuadráticas puede utilizarse la formulación anterior, conocida también como **direcciones de Fletcher-Reeves**, o bien las **direcciones de Polack-Ribiere** que presentan un mejor comportamiento en casos no cuadráticos. La formulación es la misma, cambiando únicamente el término β_n

$$\beta_n = \frac{\langle \bar{L}^* \cdot r_n, (\bar{L}^* \cdot r_n - \bar{L}^* \cdot r_{n-1}) \rangle}{\langle \bar{L}^* \cdot r_{n-1}, \bar{L}^* \cdot r_{n-1} \rangle} \quad (5.31)$$

donde \bar{L} se correspondería con el hesiano de la función. Nótese que para el caso cuadrático, ambos métodos son equivalentes [Numerical '89].

La Fig. 5.4 muestra una interpretación geométrica del método del gradiente conjugado. En un caso cuadrático bidimensional la convergencia a la solución se alcanza en únicamente dos iteraciones.

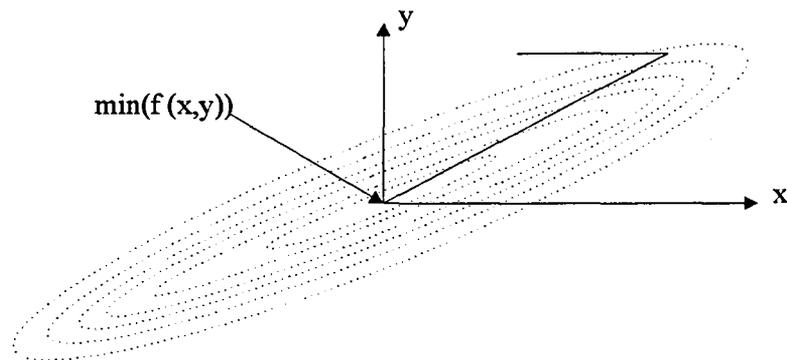


Fig. 5.4 Interpretación geométrica para un caso bidimensional del método del gradiente conjugado.

5.3.4 Aplicación de los métodos al algoritmo

A continuación se van a exponer las distintas direcciones de optimización que pueden utilizarse según los métodos presentados. Dado que el funcional a minimizar es la suma de dos funcionales obtenidos en dominios distintos, las direcciones de optimización se formulan como combinación lineal de las que se obtienen por separado en cada uno de los dominios.

Para la actualización del campo total sobre el dominio del objeto puede utilizarse:

- **Sobrerrelajación.** El error en el campo incidente proporciona la dirección de actualización

$$v_{i,n} = r_{i,n} \quad (5.32)$$

- **Dirección del gradiente.** En este caso se utiliza $v_{i,n} = g_{i,n}^v$, donde

$$\mathbf{g}_{i,n}^v = \frac{r_{i,n-1} - C_{n-1}^* G^*(I) r_{i,n-1}}{\sum_{i=1}^{NAE} \|E_i^{inc}\|_D^2} + \frac{C_{n-1}^* K^*(I) \rho_{i,n-1}}{\sum_{i=1}^{NAE} \|E_i^{med}\|_S^2} \quad (5.33)$$

habiéndose promediado las direcciones de optimización dadas por el gradiente en cada uno de los dos dominios. El operador traspuesto conjugado es idéntico al presentado en {3.3.2.1}.

- **Dirección del gradiente conjugado.** En este caso se reutilizan las direcciones obtenidas en las iteraciones anteriores para mejorar la convergencia del método.

$$v_{i,n} = \mathbf{g}_{i,n}^v + \gamma_n^v v_{i,n-1} \quad (5.34)$$

donde

$$\gamma_n^v = \frac{\sum_{i=1}^{NAE} \langle \mathbf{g}_{i,n}^v, \mathbf{g}_{i,n}^v - \mathbf{g}_{i,n-1}^v \rangle_D}{\sum_{i=1}^{NAE} \|\mathbf{g}_{i,n-1}^v\|_D^2} \quad (5.35)$$

en el que se ha aplicado el método de Polack-Ribiere. La experiencia ha demostrado que el comportamiento del algoritmo de reconstrucción mejora si se definen direcciones de optimización distintas para cada vista, con lo que (5.34) y (5.35) se transforman en

$$v_{i,n} = \mathbf{g}_{i,n}^v + \gamma_{i,n}^v v_{i,n-1} \quad \gamma_{i,n}^v = \frac{\langle \mathbf{g}_{i,n}^v, \mathbf{g}_{i,n}^v - \mathbf{g}_{i,n-1}^v \rangle_D}{\|\mathbf{g}_{i,n-1}^v\|_D^2} \quad (5.36)$$

De la misma manera, para la actualización del contraste puede utilizarse

- **Dirección del gradiente.** En este caso se utiliza $d_n = \mathbf{g}_n^d$, donde

$$g_n^d = \frac{-\sum_{i=1}^{NAE} E_{i,n-1}^* G^*(I) r_{i,n-1}}{\sum_{i=1}^{NAE} \|E_i^{inc}\|_D^2} + \frac{\sum_{i=1}^{NAE} E_{i,n-1}^* K^*(I) \rho_{i,n-1}}{\sum_{i=1}^{NAE} \|E_i^{med}\|_S^2} \quad (5.37)$$

habiéndose promediado las direcciones del gradiente de cada uno de los dominios.

- **Dirección del gradiente conjugado.** En este caso se reutilizan las direcciones anteriores para mejorar la convergencia del método.

$$d_n = g_n^d + \gamma_n^d d_{n-1} \quad (5.38)$$

donde

$$\gamma_n^d = \frac{\langle g_n^d, g_n^d - g_{n-1}^d \rangle_D}{\|g_{n-1}^d\|_S^2} \quad (5.39)$$

en el que se ha aplicado el método de Polack-Ribiere.

Parece lógico suponer que las direcciones del gradiente conjugado son las mejores y las que proporcionan una mejor convergencia al algoritmo. Mediante simulaciones se han probado todos los métodos e incluso combinaciones de ellos, demostrándose que las direcciones del gradiente conjugado eran las mejores para distribuciones sencillas y eléctricamente pequeñas de permitividad. Aunque algunos autores proponían ir cambiando de método a medida que las iteraciones avanzaban [Kleinman '93], empezando con uno sencillo (p.e. sobrerrelajación) y luego ir utilizando versiones más sofisticadas (p.e. gradiente conjugado), las pruebas realizadas con el algoritmo indican que en la práctica no siempre es necesario, e incluso en algunos casos ineficiente. En {5.6} se muestran los resultados de alguna de las simulaciones realizadas que justifican la elección de las direcciones. Con todo, para cuerpos eléctricamente grandes no queda clara cual es la mejor elección de direcciones de optimización, y las que proporcionan buenos resultados en un caso pueden fallar en otro.

5.4 MINIMIZACIÓN DE FUNCIONES MULTIDIMENSIONALES

Para completar el algoritmo únicamente faltan las herramientas de minimización multidimensional de funciones, que permiten encontrar para cada iteración los coeficientes α_n y β_n . En la literatura existen varias técnicas, pero aquí se presentan únicamente las dos utilizadas: el Método Simplex y el Método del Gradiente Conjugado Multidimensional.

5.4.1 Método símplex

El método símplex presenta la ventaja de requerir únicamente evaluaciones del funcional, sin ser necesario el conocimiento de sus derivadas. Es un método sencillo y robusto, pero presenta el inconveniente de que su eficiencia, en términos de número de evaluaciones del funcional, es baja. Un *símplex* es una figura geométrica que en un problema N-dimensional presentaría N+1 vértices interconectados por segmentos. El algoritmo empieza por un conjunto de N+1 puntos que forman el símplex inicial. Seguidamente se encuentra el vértice que presenta un valor más alto de la función y se mueve hasta la cara opuesta del símplex con un vértice de menor valor. Estos pasos se llaman reflexiones y pretenden mantener el volumen del símplex. En función de que ese nuevo punto sea mejor o peor que el de origen se conserva el primero o se actualiza el símplex. De esta forma el símplex va deformándose hasta caer en el interior de un valle, entonces se va contrayendo hasta alcanzar el mínimo. Cuando la distancia entre los distintos puntos del símplex es menor que cierta cota, el proceso se detiene. Desafortunadamente no es posible asegurar que el mínimo alcanzado sea el global, ya que puede tratarse, perfectamente, de uno local. La Fig. 5.5 muestra las posibles evoluciones, después de una iteración, del símplex inicial a), puede reflejarse y/o expandirse respecto del máximo anterior del símplex, tal como muestra b); también puede contraerse como muestra c) o finalmente, contraerse en todas sus dimensiones hacia el mínimo, c). El algoritmo utilizado puede encontrarse en [Numerical '89].

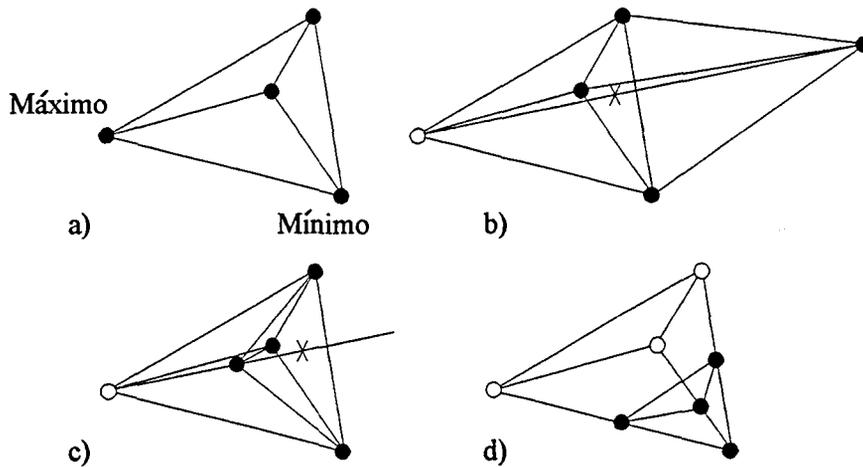


Fig. 5.5 Posibles evoluciones de un simplex después de una iteración.

5.4.2 Método del gradiente conjugado multidimensional

En este caso es necesario conocer de la función a minimizar, no únicamente su valor en cualquier punto, sino además su gradiente. Este método también utiliza las direcciones de actualización presentadas en {5.3.2-3}, teniendo su misma filosofía. En {A.3} aparece una explicación del método y en [Numerical '89] se encuentran las subrutinas utilizadas en su implementación.

Aunque el primer método es mucho más sencillo de programar se ha mostrado bastante ineficiente, por lo tanto al final se ha utilizado el segundo. En {A.4} se encuentran desarrolladas las derivadas parciales del funcional (5.13) respecto las partes reales e imaginarias de α_n y β_n necesarias para su minimización con el gradiente conjugado multidimensional.

5.5 INCLUSIÓN DE INFORMACIÓN "A PRIORI"

Al describir el algoritmo, la ecuación (5.14) indicaba la posibilidad de incluir información "a priori" sobre el objeto a reconstruir que permite al algoritmo una mayor velocidad de convergencia [Mallorquí '93]. En función de como sea esa información los pasos iniciales del algoritmo son distintos. A continuación se enumeran los distintos tipos de información "a priori" que puede aceptar el algoritmo.

- **Ninguna información "a priori"**. Puede parecer una paradoja incluir este apartado, pero aunque no se tenga ningún tipo de información sobre el objeto, ésta puede simularse. Para ello se considera en los primeros pasos del algoritmo que la dirección de actualización del contraste, (5.15), es constante para toda la malla de reconstrucción e igual a la unidad

$$d_n = 1 \quad \forall \vec{r} \in D \quad (5.40)$$

Como la malla de reconstrucción se dimensiona para que incluya al objeto pero no lo sobrepase en exceso, se supone como primera estimación del mismo que su contorno es toda la malla. A continuación se encuentra el contraste constante que mejor se adecua a los campos dispersados medidos. Una vez las iteraciones lleguen a un nivel de saturación, es decir, las sucesivas actualizaciones no consiguen disminuir el funcional, se sigue con el algoritmo normal. No puede considerarse una gran solución, pero en algunos casos, principalmente cuanto más ajustado esté el objeto a la malla, puede mejorar la velocidad de convergencia.

- **Información de contorno**. Mediante el contorno del objeto obtenido mediante el algoritmo de Born o midiendo físicamente el objeto, se actúa de forma parecida al caso anterior, pero la dirección de actualización del contraste vale

$$d_n = \begin{cases} 1 & ; \forall \vec{r} \in \text{Objeto} \\ 0 & ; \forall \vec{r} \notin \text{Objeto} \end{cases} \quad (5.41)$$

De esta manera se obtiene el contraste medio del objeto, que una vez conocido permite al algoritmo partir de una forma más ventajosa.

- **Información de contorno y contraste**. En este caso la información es más completa y del objeto a reconstruir se conoce el contorno y el contraste. Es normal que pueda predecirse, como en el caso biológico, el contraste medio del cuerpo medido o una hipotética distribución de contraste en función del conocimiento del mismo. Cuanto mayor y más exacta sea esta información más rápida es la convergencia del algoritmo y la exactitud de la imagen final que proporciona. El caso más extremo consiste en la imagen diferencial de un objeto del que únicamente interesa conocer que ha variado en su interior. Del mismo modo, en este caso puede proporcionarse una mejor aproximación del campo difractado sobre el objeto que la dada por el campo incidente utilizando alguno de los métodos directos presentados en {Cap. 3}.

En aquellos casos en los que no se conoce el contorno de forma exacta, por ejemplo si se ha obtenido mediante la utilización del algoritmo de Born, es conveniente realizar un filtrado paso bajo de los contornos. A través de los resultados obtenidos, se ha observado que el algoritmo tiene mucha inercia y le cuesta rectificar los errores iniciales de un contorno demasiado abrupto e inexacto. La suavización de sus límites, permite al algoritmo una mejor convergencia hacia la solución correcta.

5.6 RESULTADOS

En este apartado se presentan una serie de simulaciones realizadas con el algoritmo para determinar, en primer lugar, que direcciones de optimización proporcionan los mejores resultados, y en segundo lugar, intentar obtener los límites del algoritmo. Para ello, es necesario definir un criterio de parada. El más usual consiste en determinar cuando la raíz cuadrada del funcional error, $\sqrt{F_n}$, ha bajado por debajo de cierta cota. Se utiliza la raíz cuadrada para poder comparar los resultados con los del {Cap. 6}.

Al mismo tiempo, como se probarán distintos métodos para hallar las direcciones de actualización, puede ser que alguno de ellos se sature, y ya no pueda encontrar nuevas direcciones que permitan reducir los funcionales error. Esto sucede al utilizar información "a-priori", cuando se utiliza la dirección constante para el contraste, y el algoritmo ha ajustado la permitividad media del cuerpo y su campo total, se detiene la convergencia. Entonces, es necesario cambiar de método. Para determinar cuando, entre dos iteraciones, la mejora en el funcional es nula o casi nula, se define el cambio del campo normalizado

$$\epsilon_n = \left(\frac{\sum_{i=1}^{NAE} \|E_{i,n} - E_{i,n-1}\|_D^2}{\sum_{i=1}^{NAE} \|E_{i,n-1}\|_D^2} \right)^{1/2} = \left(\frac{\sum_{i=1}^{NAE} \|\alpha_n v_{i,n}\|_D^2}{\sum_{i=1}^{NAE} \|E_{i,n-1}\|_D^2} \right)^{1/2} \quad (5.42)$$

que es utilizado para activar los cambios de método de búsqueda de direcciones de optimización al producirse una saturación. Se ha definido con el campo difractado sobre el objeto al ser éste más sensible que el dispersado a las saturaciones del algoritmo. Por ejemplo, el error en el campo dispersado puede no mejorar de forma apreciable a partir de cierta iteración, pero el algoritmo puede continuar mejorando el campo difractado en zonas que, debido a la inhomogeneidad o a la atenuación de los tejidos, contribuyen poco al campo dispersado.

5.6.1 Elección de las direcciones de optimización

Para cuerpos sencillos, la mejor elección se corresponde con las direcciones del gradiente conjugado. Pero para cuerpos más complejos la elección no es tan clara, e incluso puede ser dependiente de cada caso concreto. A continuación, se presenta la simulación de un antebrazo humano, {Ap. B.5}, en un sistema con una agrupación de 64 antenas trabajando a un frecuencia de 1 GHz con agua como medio externo. Se han probado cuatro combinaciones distintas de métodos de cálculo de las direcciones de actualización. Las distintas combinaciones, llamadas A, B, C y D, se encuentran en la tabla adjunta. El número indica el cambio de método (se empieza con el 1, luego 2, etc.) cuando el cambio del campo normalizado sobrepasa de cierta cota inferior, en este caso $\epsilon_n < 1.0 \cdot 10^{-3}$. Por ejemplo, en la combinación C se empieza con sobrerrelajación en campo y dirección constante en contraste, luego se pasa a dirección del gradiente en campo y gradiente en contraste, y finalmente, se mantiene gradiente en campo y se pasa a gradiente conjugado en contraste. En los cuatro casos, se ha utilizado como información "a priori" el contorno aproximado del antebrazo, obtenido a partir del algoritmo de Born. La malla de reconstrucción tiene tres longitudes de onda de lado y 31 x 31 celdas.

	Campo Difractado			Contraste		
	Sobrerrel.	Gradiente	Gradiente Conjugado	Constante (a priori)	Gradiente	Gradiente Conjugado
A	1,2	-	-	1	2	-
B	1	2	-	1	2	-
C	1	2,3	-	1	2	3
D	1	-	2	1	-	2

La Fig. 5.6 muestra las imágenes finales obtenidas tras 512 iteraciones. Se aprecia que las dos mejores son C y D, mientras que A y B se quedan bastante atrás en nivel de calidad final. La Fig. 5.7 muestra la evolución de la raíz cuadrada de los distintos funcionales. Los casos A y B son claros, observándose que la elección en B del gradiente en ambos dominios mejora la convergencia. En cambio, entre las combinaciones C y D no está tan claro cuál funciona mejor. Al principio, la elección del gradiente conjugado en ambos dominios acelera la convergencia, siendo D mejor que C. Pero a partir de cierto momento, cuando C conmuta en

la actualización del contraste de gradiente a gradiente conjugado, acelera la convergencia y su pendiente negativa es más fuerte, llegando en la iteración 512 a un resultado ligeramente mejor al D. Una posible interpretación de este fenómeno podría ser que, al principio, se está muy lejos de la zona cuadrática del funcional. El gradiente conjugado en el campo difractado, al tener memoria histórica, se ve penalizado por los grandes errores iniciales, mientras que la dirección del gradiente es más flexible. De esta forma, cuando C conmuta al gradiente conjugado en el contraste, parte de una zona más cuadrática, y así su convergencia es más rápida. La siguiente simulación ratifica esta hipótesis.

Direcciones de Optimización

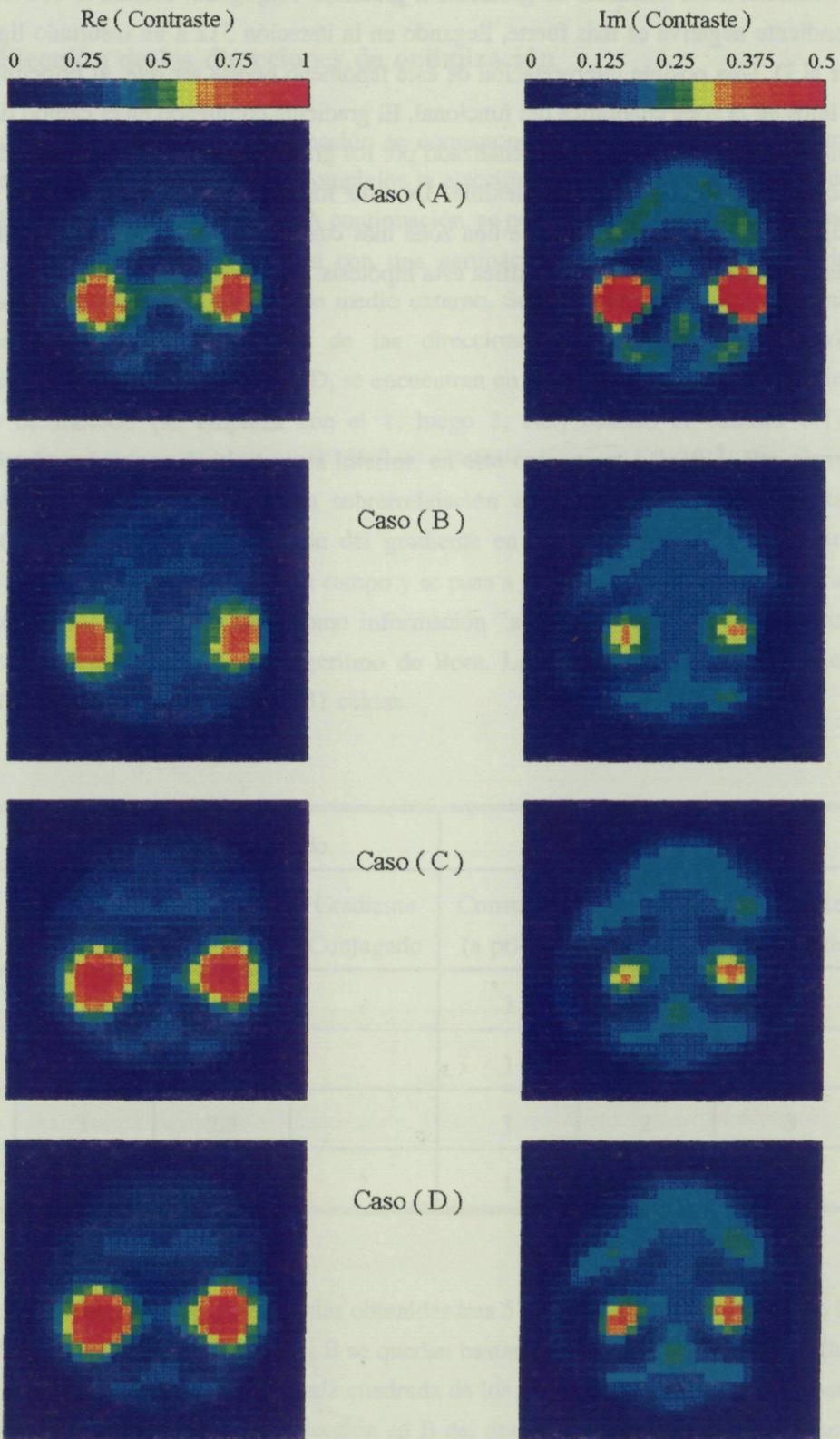


Fig. 5.6 Imágenes del brazo tras 512 iteraciones según las distintas combinaciones de elección de direcciones de optimización.

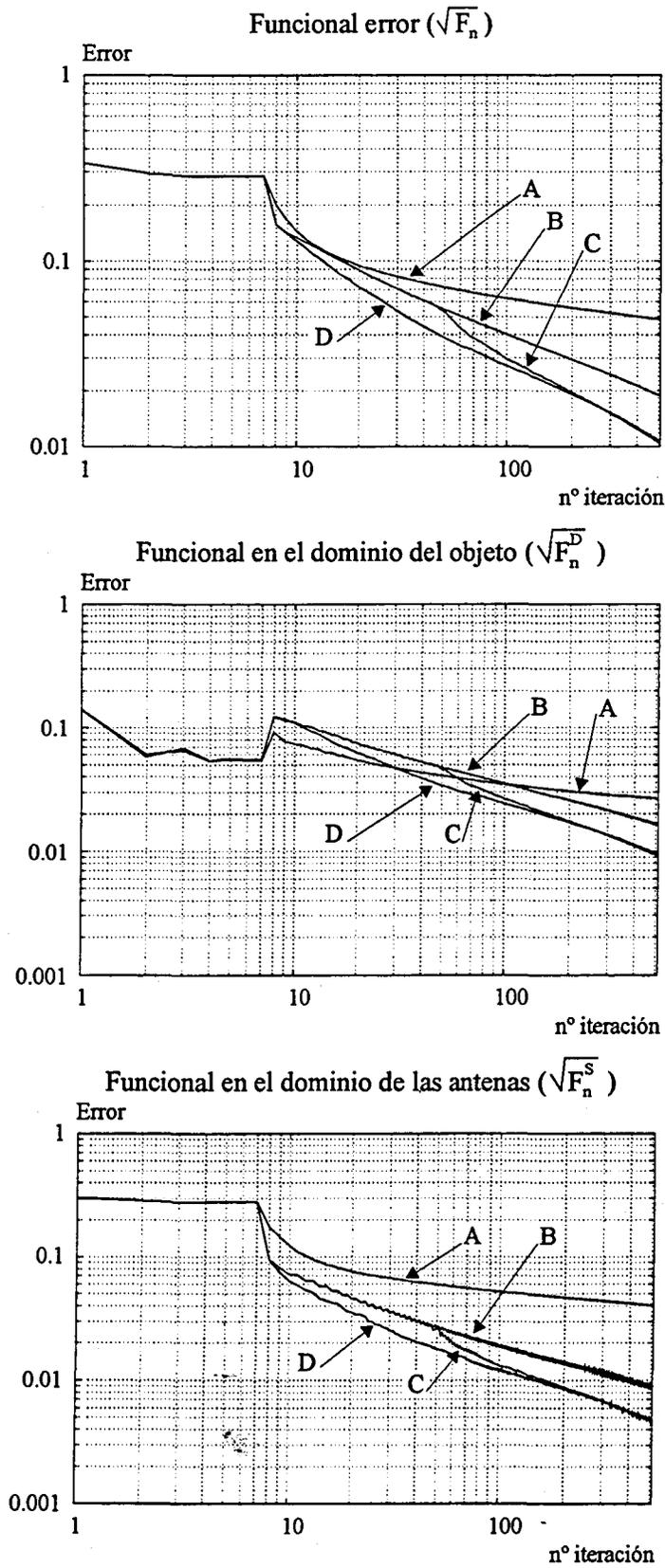


Fig. 5.7 Evolución de los funcionales error en función de los distintos métodos de optimización.

5.6.2 Límites del algoritmo

El modelo más grande que se ha podido reconstruir con éxito es un modelo de cuello en agua, {Ap. B.6}, de aproximadamente cuatro longitudes de onda. Las Fig. 5.8a y Fig. 5.8b muestran la evolución de la reconstrucción. En este caso, y dada su gran inhomogeneidad, han sido necesarias 1024 iteraciones, consiguiéndose una calidad final de imagen aceptable. Para este caso se han utilizado, tras obtener la permitividad promedio mediante la información "a priori" de contorno, las direcciones del gradiente conjugado para el contraste y las del gradiente, en primer lugar, y gradiente conjugado, en segundo lugar, para el campo difractado. Otras combinaciones provocaban la saturación de la convergencia.

Los intentos con modelos mayores, por ejemplo brazos medidos en el prototipo experimental, no han sido satisfactorios. El algoritmo consigue obtener una permitividad media del cuerpo muy cercana a la real, pero las sucesivas iteraciones no consiguen minimizar el funcional de forma aceptable, llegándose en la mayoría a una saturación de la convergencia.

Puede concluirse que el método es bueno para objetos pequeños, aunque en casos grandes e inhomogéneos no puede asegurarse su convergencia a un resultado correcto, además el resultado alcanzado puede depender excesivamente del método utilizado para calcular las direcciones de actualización. En general, puede suponerse que en los casos en que el algoritmo no llega a un resultado correcto se alcanza un mínimo local del que no puede salir.

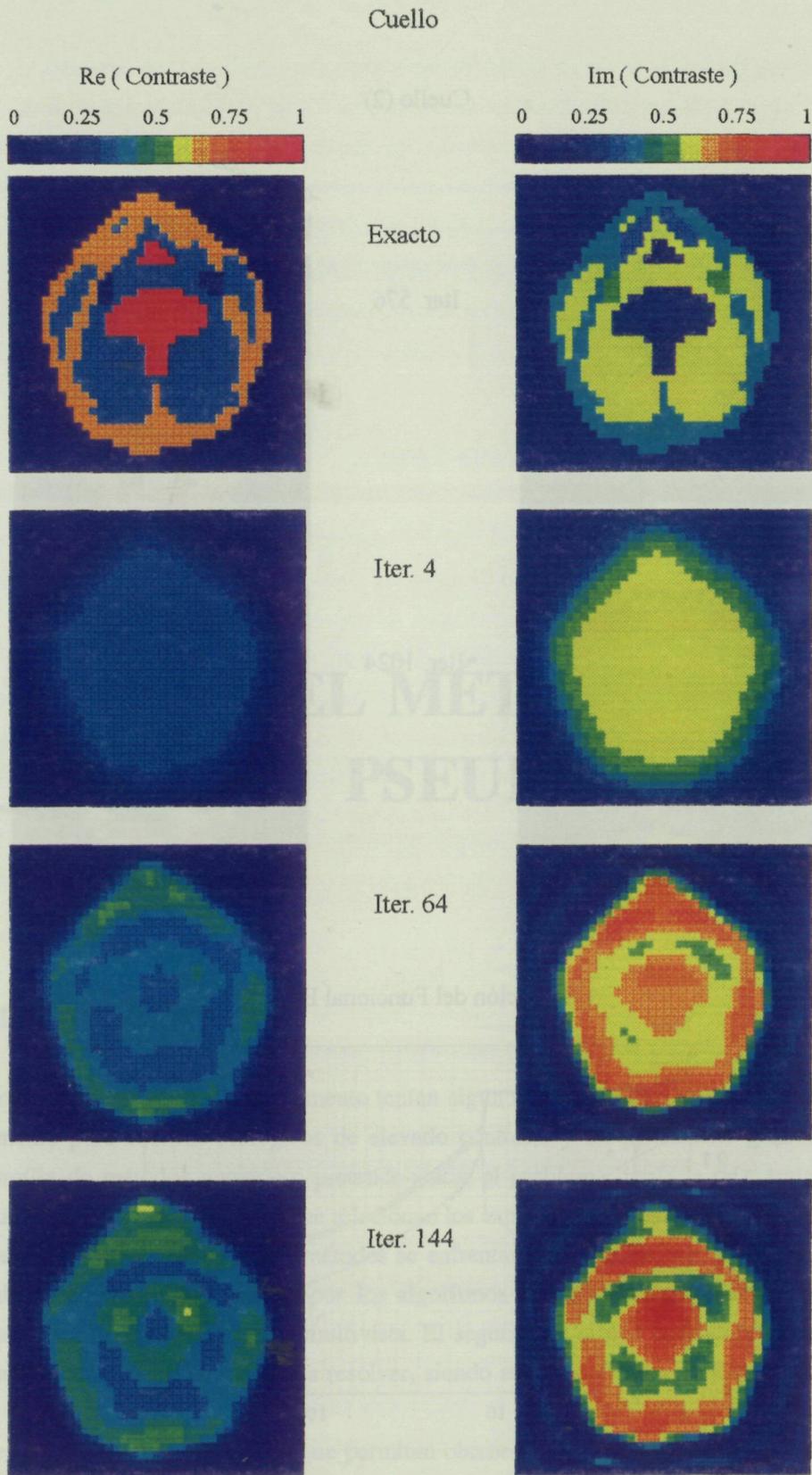


Fig. 5.8a Reconstrucción de un modelo de cuello {Ap. B.6}.

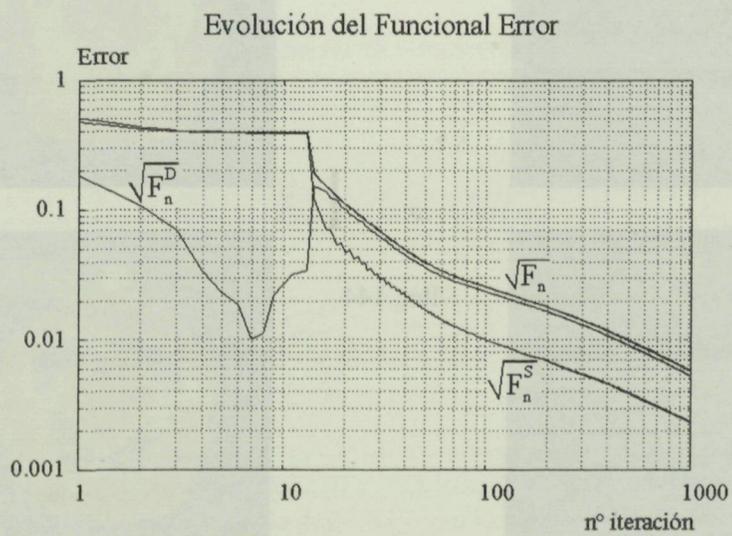
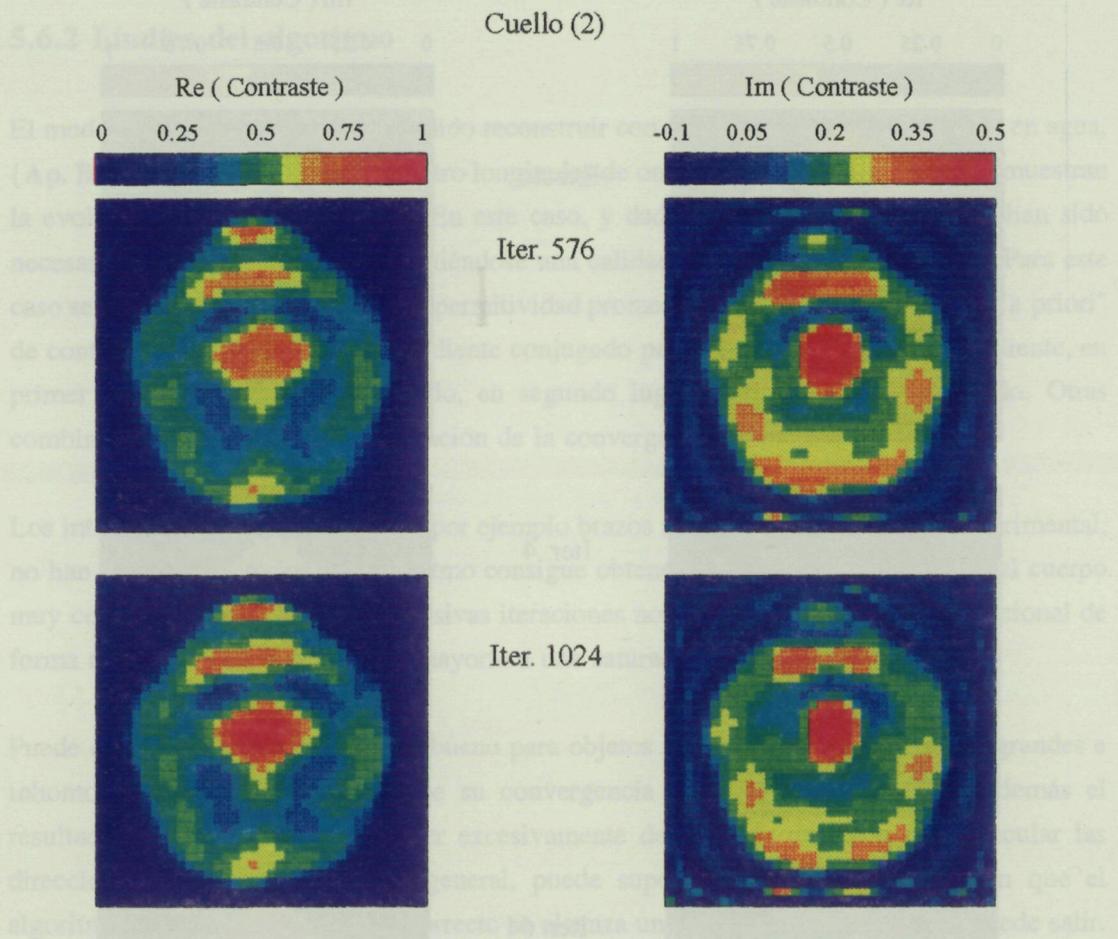


Fig. 5.8b Reconstrucción de un modelo de cuello {Ap. B.6}.

EL MÉTODO DE LA PSEUDOINVERSA

6.1 INTRODUCCIÓN

Los métodos presentados hasta el momento tenían algún tipo de limitación y no funcionaban correctamente para cuerpos biológicos de elevado contraste y eléctricamente grandes. Una nueva familia de métodos numéricos pretende atacar el problema desde la raíz, tratando de invertir directamente las ecuaciones que relacionan los campos dispersados con la distribución de contraste incógnita. Estos nuevos métodos se enfrentan a dos problemas. El primero es la gran cantidad de memoria requerida por los algoritmos para poder almacenar las matrices involucradas en el problema inverso multivista. El segundo es el mal condicionamiento que presentan los sistemas de ecuaciones a resolver, siendo su inversión muy crítica.

En la literatura no abundan métodos que permitan obtener buenos resultados en aplicaciones biomédicas. En 1991 se presentó un método que permitía obtener buenos resultados con cuerpos biológicos razonadamente grandes [Joachimowicz '91], ese es el método de la pseudoinversa o método de Newton-Kantorovich. Recientemente, [Caorsi '94] publicó un

método muy parecido al de la pseudoinversa, pero los resultados se limitaban a resolver sistemas de ecuaciones correctamente dimensionados con muy pocas incógnitas, 16 en la referencia. Con este método se planteaba un único sistema a invertir combinando las ecuaciones que proporcionan el campo difractado sobre el objeto y las del campo dispersado en las antenas receptoras. A pesar de la simplicidad de los objetos a reconstruir y de trabajar con medios sin pérdidas, el sistema final de ecuaciones estaba muy mal condicionado; lo que hace suponer que su extensión a casos de mayor envergadura con pérdidas tendría pocas posibilidades de éxito.

6.2 MÉTODO DE LA PSEUDOINVERSA

El método consiste en la obtención del contraste del objeto mediante un proceso iterativo que, tras linealizar el problema aplicando la aproximación de Born, obtiene la actualización del contraste mediante la inversión de un sistema de ecuaciones que lo relaciona con el error en la aproximación de los campos dispersados. Para ello, el problema directo ha de ser resuelto en cada iteración, de forma que el coste computacional es elevado. Mediante un proceso de regularización, se reduce el mal condicionamiento del sistema de ecuaciones que proporciona la actualización del contraste, y a la vez, se estabiliza el proceso iterativo, permitiendo la convergencia del mismo. Los resultados obtenidos hasta la fecha tanto si se utilizan datos simulados, [Llorens '94] [Mallorquí '94b], como medidas reales, [Geffrin '95] [Mallorquí '95b], muestran el buen comportamiento y robustez del algoritmo.

A continuación se presenta, en primer lugar, la deducción del algoritmo par un caso monovista, ya que su simplicidad permite exponer de forma más clara los pasos a seguir. Seguidamente, se propone la versión multivista. Mediante una serie de simulaciones básicas, se analiza como influyen en el comportamiento del algoritmo los distintos parámetros de un sistema tomográfico: ruido, número de antenas, medio externo, etc. Finalmente, en el apartado de resultados se presentan reconstrucciones de cuerpos complejos, tanto simulados como medidos en el prototipo experimental.

6.3 INVERSIÓN MONOVISTA DE UN INCREMENTO DE CONTRASTE

En {3.3} se obtuvieron las expresiones que, tras la discretización de las ecuaciones integrales del campo eléctrico, permitían una representación matricial del problema directo electromagnético. La que relaciona el campo difractado y el campo incidente con el contraste y la función de Green del problema para el caso multivista puede expresarse como

$$E_i^{inc} = [\bar{I} - \bar{G} \cdot \bar{C}] \cdot E_i \quad i = 0 \dots NAE \quad (6.1)$$

siendo i el número de vista y donde \bar{C} es una matriz cuadrada y diagonal, \bar{I} la matriz identidad, \bar{G} la matriz de Green y E el vector campo difractado. El producto de la matriz de Green por la matriz contraste y el vector campo difractado puede implementarse de forma muy eficiente mediante FFT. De la misma manera, para el campo medido en las antenas receptoras se puede obtener

$$E_i^{med} = \bar{K} \cdot \bar{C} \cdot E_i \quad i = 0 \dots NAE \quad (6.2)$$

Durante el desarrollo del algoritmo, y aprovechando la diagonalidad de \bar{C} , algunas de las matrices involucradas se transforman en vectores y al revés.

Si para un caso monovista se parte de un contraste y campo difractado conocidos y se introduce un cambio en ese contraste manteniendo el mismo campo incidente, se produce una variación tanto en el campo difractado, en el dominio del objeto, como en los campos dispersados medidos para cada una de las vistas, en el dominio de las antenas. Se pretende obtener ese incremento de contraste a partir de la variación en los campos dispersados. Considerando que ese proceso es un paso de un algoritmo iterativo, siendo n el número de la iteración, las ecuaciones (6.1) y (6.2) pueden reescribirse como

$$E^{inc} = [\bar{I} - \bar{G} \cdot \bar{C}_n] \cdot E_n \quad (6.3)$$

y

$$E_n^{med} = \bar{K} \cdot \bar{C}_n \cdot E_n \quad (6.4)$$

Dado el cambio en el contraste, las variaciones en los campos en ambos dominios pueden expresarse como

$$\Delta E_{n+1} = E_{n+1} - E_n = \bar{G} \cdot (\bar{C}_{n+1} \cdot E_{n+1} - \bar{C}_n \cdot E_n) = \bar{G} \cdot \Delta (CE)_{n+1} \quad (6.5)$$

en el dominio del objeto, y

$$\Delta E_{n+1}^{med} = \bar{K} \cdot \Delta (CE)_{n+1} \quad (6.6)$$

en el dominio de las antenas.

Introduciendo la variación de contraste en (6.5) y mediante una aproximación de primer orden del incremento del producto de la matriz contraste por el vector campo difractado, puede obtenerse

$$\bar{C}_{n+1} = \bar{C}_n + \Delta \bar{C}_{n+1} \quad \rightarrow \quad \Delta (CE)_{n+1} \approx \bar{C}_n \cdot \Delta E_{n+1} + \Delta \bar{C}_{n+1} \cdot E_{n+1} \quad (6.7)$$

Sustituyendo (6.5) en el segundo término de (6.7)

$$\Delta (CE)_{n+1} = \bar{C}_n \cdot \bar{G} \cdot \Delta (CE)_{n+1} + \Delta \bar{C}_{n+1} \cdot E_{n+1} \quad (6.8)$$

y reagrupando se llega a

$$\Delta (CE)_{n+1} = (\bar{I} - \bar{C}_n \cdot \bar{G})^{-1} \cdot \bar{E}_{n+1} \cdot \Delta C_{n+1} \quad (6.9)$$

Nótese que ahora en (6.9) se trata al incremento de contraste como vector y al campo difractado como matriz diagonal, el cambio es posible dada la diagonalidad de la matriz incremento de contraste.

Sustituyendo (6.9) en (6.6) se obtiene

$$\Delta E_{n+1}^{med} = \bar{K} \cdot (\bar{I} - \bar{C}_n \cdot \bar{G})^{-1} \cdot \bar{E}_{n+1} \cdot \Delta C_{n+1} \quad (6.10)$$

expresión que permite relacionar el incremento de los campos dispersados medidos en las antenas con el incremento de contraste. Lamentablemente se desconoce el término \bar{E}_{n+1} , ya que el campo difractado está también afectado por el cambio de contraste. Para solventar el problema puede plantearse la aproximación de Born {4.2.1}: se supone que el incremento de contraste afecta poco al campo difractado ya conocido, de forma parecida a las imágenes diferenciales del algoritmo de recubrimiento espectral {4.3.3}. En este caso la diferencia estriba en que aquí la aproximación depende únicamente del incremento de contraste, pero no del objeto. De esa forma se aproxima

$$\Delta E_{n+1} \ll E_n \quad \rightarrow \quad E_{n+1} = E_n + \Delta E_{n+1} \approx E_n \quad (6.11)$$

con lo que (6.10) se transforma en

$$\Delta E_{n+1}^{med} = \bar{K} \cdot (\bar{I} - \bar{C}_n \cdot \bar{G})^{-1} \cdot \bar{E}_n \cdot \Delta \bar{C}_{n+1} \quad (6.12)$$

La ecuación ya puede invertirse permitiendo encontrar una aproximación del vector incremento de contraste. Si el sistema de ecuaciones está correctamente dimensionado, es decir el número de ecuaciones es igual al de incógnitas, el incremento de contraste aproximado viene dado por

$$\Delta \tilde{C}_{n+1} = [\bar{K} \cdot (\bar{I} - \bar{C}_n \cdot \bar{G})^{-1} \cdot \bar{E}_n]^{-1} \cdot \Delta E_{n+1}^{med} \quad (6.13)$$

Esta última ecuación es la base del algoritmo iterativo. En general será difícil que el problema esté correctamente dimensionado, en la práctica para la inversión de (6.12) se recurrirá al método de los mínimos cuadrados o a la descomposición en valores singulares [Haykin '91].

6.3.1 Cálculo del error en la aproximación

Antes de describir el algoritmo completo es interesante ponderar el error debido a la aproximación de Born realizada en (6.11). Si se toma el valor exacto de campo difractado actualizado

$$\begin{aligned} \Delta E_{n+1}^{med} &= \bar{K} \cdot (\bar{I} - \bar{C}_n \cdot \bar{G})^{-1} \cdot (\bar{E}_n + \Delta \bar{E}_{n+1}) \cdot \Delta C_{n+1} = \\ &= \bar{K} \cdot (\bar{I} - \bar{C}_n \cdot \bar{G})^{-1} \cdot \bar{E}_n \cdot \Delta C_{n+1} + \bar{K} \cdot (\bar{I} - \bar{C}_n \cdot \bar{G})^{-1} \cdot \Delta \bar{E}_{n+1} \cdot \Delta C_{n+1} \end{aligned} \quad (6.14)$$

y reagrupando los términos se obtiene

$$\Delta E_{n+1}^{med} - \bar{K} \cdot (\bar{I} - \bar{C}_n \cdot \bar{G})^{-1} \cdot \Delta \bar{E}_{n+1} \cdot \Delta C_{n+1} = \bar{K} \cdot (\bar{I} - \bar{C}_n \cdot \bar{G})^{-1} \cdot \bar{E}_n \cdot \Delta C_{n+1} \quad (6.15)$$

Comparando (6.12) y (6.15) puede determinarse que el término de error en la aproximación del incremento de contraste es

$$ErC_{n+1} = \Delta C_{n+1} - \Delta \tilde{C}_{n+1} = -[\bar{K} \cdot (\bar{I} - \bar{C}_n \cdot \bar{G})^{-1} \cdot \bar{E}_n]^{-1} \cdot \bar{K} \cdot (\bar{I} - \bar{C}_n \cdot \bar{G})^{-1} \cdot \Delta \bar{E}_{n+1} \cdot \Delta C_{n+1} \quad (6.16)$$

Operando con las matrices puede obtenerse una expresión mucho más simplificada

$$ErC_{n+1} = -[\bar{E}_n]^{-1} \cdot \Delta \bar{E}_{n+1} \cdot \Delta C_{n+1} = -\frac{\bar{E}_n}{\prod \text{diag}(\bar{E}_n)} \Delta \bar{E}_{n+1} \cdot \Delta C_{n+1} \quad (6.17)$$

El error en la aproximación del contraste depende exclusivamente del error en la aproximación del campo difractado debido al aumento de contraste, es decir del cumplimiento de la aproximación de Born en la iteración. Por lo tanto, si se integra la formulación en un proceso iterativo, y en las sucesivas iteraciones el error en el campo difractado se va reduciendo, los sucesivos incrementos de contraste serán cada vez mejores, y la aproximación del contraste se irá acercando sucesivamente a la correcta.

6.4 INVERSIÓN ITERATIVA MULTIVISTA

En la ecuación (6.13) se han propuesto las bases del algoritmo iterativo. A la vista de la formulación, podría suponerse que mediante una única vista y con suficientes medidas se podría obtener la distribución de contraste incógnita. En la práctica, el mal condicionamiento del problema hace inviable el método. Por lo tanto, se hace imprescindible incluir en la formulación anterior la información multivista. Al incorporarla, la ecuación (6.12) se transforma en

$$\begin{bmatrix} \Delta E_{1,n+1}^{med} \\ \Delta E_{2,n+1}^{med} \\ \dots \\ \Delta E_{i,n+1}^{med} \\ \dots \\ \Delta E_{NAE,n+1}^{med} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \bar{K} \cdot (\bar{I} - \bar{C}_n \cdot \bar{G})^{-1} \cdot \bar{E}_{1,n} \\ \bar{K} \cdot (\bar{I} - \bar{C}_n \cdot \bar{G})^{-1} \cdot \bar{E}_{2,n} \\ \dots \\ \bar{K} \cdot (\bar{I} - \bar{C}_n \cdot \bar{G})^{-1} \cdot \bar{E}_{i,n} \\ \dots \\ \bar{K} \cdot (\bar{I} - \bar{C}_n \cdot \bar{G})^{-1} \cdot \bar{E}_{NAE,n} \end{bmatrix} \cdot \Delta C_{n+1} \quad (6.18)$$

Para simplificar, se define el vector de vectores $[\Delta E_{i,n+1}^{med}]$, formado por los vectores de campos dispersados en el dominio de las antenas para todas las vistas, y la matriz \bar{D}_n , de forma que (6.18) se reescribe como

$$[\Delta E_{i,n+1}^{med}] = \bar{D}_n \cdot \Delta C_{n+1} \quad (6.19)$$

6.4.1 Planteamiento del proceso iterativo

Después de la incorporación de la información multivista, ya se puede formular el algoritmo iterativo tomando como base {6.3}. Una vez más, los datos de partida son la medida

multivista de los campos dispersados, E_i^{med} , y la distribución de campo incidente multivista, E_i^{inc} . Los pasos del algoritmo son los siguientes

0. Se propone una distribución inicial de contraste, que puede ser cero o información "a priori" del objeto. Como puede suponerse, la utilización de esa información mejora considerablemente las prestaciones del algoritmo, permitiendo el arranque del mismo desde una posición más favorable.

1. A partir de la distribución de contraste calculada en la última iteración, se halla la distribución de campo difractado sobre el objeto para cada una de las vistas. Para ello se invierte la ecuación

$$E_i^{inc} = [\bar{I} - \bar{G} \cdot \bar{C}_n] \cdot E_{i,n} \quad (6.20)$$

utilizando alguno de los métodos presentados en {Cap. 3}.

2. Mediante el campo difractado calculado sobre el objeto, se determina el campo dispersado que se mediría en las antenas receptoras situadas a su alrededor, para cada vista y para la presente distribución de contraste, resolviendo el producto de matrices

$$\bar{E}_{i,n}^{med} = \bar{K} \cdot \bar{C}_n \cdot E_{i,n} \quad (6.21)$$

3. Se determina el vector error entre el campo eléctrico dispersado calculado en el paso 2, $\bar{E}_{i,n}^{med}$, y el campo eléctrico dispersado medido, E_i^{med} . La norma de este vector error normalizada a la del campo medido permite monitorizar la convergencia del método, y establecer el criterio de parada del algoritmo iterativo.

$$[\Delta E_{i,n+1}^{med}] = [\bar{E}_{i,n+1}^{med}] - [E_i^{med}] \quad (6.22)$$

4. A partir del vector error calculado en el apartado 3, y mediante la resolución del sistema de ecuaciones

$$[\Delta E_{i,n+1}^{med}] = \bar{D} \cdot \Delta C_{n+1} \quad (6.23)$$

puede encontrarse el incremento de contraste en la iteración.

5. Actualización de la función contraste

$$C_{n+1} = C_n + \Delta C_{n+1} \quad (6.24)$$

6. Si el error del campo dispersado normalizado es mayor que una cota determinada se reinicia el algoritmo en el paso 1, en caso contrario se finaliza el proceso iterativo. El error normalizado entre vectores para cada iteración se ha definido del siguiente modo

$$err_{x_j} = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^N \|x(i) - x_j(i)\|^2}{\sum_{i=1}^N \|x(i)\|^2}} \quad (6.25)$$

siendo la fórmula empleada en todas las gráficas del capítulo.

El desarrollo del algoritmo implica la linealización del problema, por ello las sucesivas iteraciones permiten la aproximación a la función contraste original, la del objeto real. También puede preverse que cuando la distribución inicial de contraste se encuentre muy lejos de la real, por ejemplo en el caso de un objeto muy inhomogéneo o eléctricamente muy grande, el algoritmo puede no converger hacia la solución correcta por el incumplimiento de la aproximación de Born en la primera iteración. Al mismo tiempo, este problema puede verse agravado por la inestabilidad matemática de la inversión de la ecuación (6.23) si se obtienen sistemas de ecuaciones mal condicionados. Más adelante se verá como solventar estos problemas

6.4.2 Error en la aproximación

La expresión encontrada {6.3.1} para el error en la reconstrucción monovista, puede aplicarse en su filosofía al caso multivista. Si el algoritmo va convergiendo hacia la solución correcta, el error va reduciéndose progresivamente y a cada iteración los incrementos de contraste son cada vez mejores.

6.4.3 Problemática intrínseca al algoritmo

Como ha podido verse durante el planteamiento del algoritmo es necesaria la resolución de dos sistemas de ecuaciones en cada iteración. El primero es la resolución del problema

directo, que como se vio en el {Cap. 3}, no presenta problemas en el caso biológico con ninguno de los métodos presentados; el segundo es la inversión del sistema que permite obtener la actualización del contraste a partir del error en el campo dispersado. Este último paso, al que se llamará a partir de ahora problema inverso, es el más problemático por dos razones: en primer lugar, la matriz estará mal condicionada y en segundo lugar, será necesario asegurar que la solución obtenida, a pesar del error en la aproximación de Born, permita la convergencia del proceso iterativo.

Resulta interesante definir que se entiende por un sistema de ecuaciones del tipo $\bar{A} \cdot x = y$ bien condicionado. Las condiciones que ha de cumplir el sistema son las siguientes [Sarkar '81b]:

1. La solución x existe para cada elemento y en el rango del espacio Y .
2. Esa solución es única.
3. Pequeñas perturbaciones en y producen pequeñas perturbaciones en la solución x , sin la necesidad de imponer restricciones adicionales al sistema.

Cuando no se cumpla alguna de las condiciones anteriores se hablará de sistema mal condicionado.

6.4.3.1 Medida de la inestabilidad numérica: número de condicionamiento de una matriz

El número de condicionamiento de una matriz \bar{A} , $\kappa(\bar{A})$, mide la sensibilidad en la solución de un sistema de ecuaciones lineal, $\bar{A} \cdot x = y$, a los errores numéricos de la matriz, \bar{A} , y a los del término independiente, y . Si se representan esos errores mediante δA y δy , y adoptando una determinada norma, $\| \cdot \|$, el error que se obtiene al solucionar el sistema de ecuaciones

$$(\bar{A} + \delta \bar{A}) \cdot x = y + \delta y \quad (6.26)$$

se encuentra acotado por [Veclib '91]

$$\frac{\|\delta x\|}{\|x\|} \leq \frac{\kappa(\bar{A})}{1 - \|\bar{A}^{-1}\| \|\delta \bar{A}\|} \left[\frac{\|\delta \bar{A}\|}{\|\bar{A}\|} + \frac{\|\delta y\|}{\|y\|} \right] \quad (6.27)$$

Una demostración más detallada de la fórmula puede encontrarse en [Golub '83]. También puede demostrarse que el número de condicionamiento, que depende de la norma utilizada, tiene la siguiente expresión utilizando la euclidiana [Golub '83][Haykin '91]

$$\kappa(\bar{A}) = \|\bar{A}\| \|\bar{A}^{-1}\| \quad (6.28)$$

Su margen de variación es de $1 \leq \kappa(\bar{A}) < \infty$. Un número de condicionamiento cercano a la unidad indica una matriz bien condicionada, y al contrario, un número de condicionamiento muy elevado indica una matriz mal condicionada. Puede asumirse que el número de condicionamiento aumenta los errores en los datos del sistema de ecuaciones trasladándolos a la solución. En muchos casos, principalmente en problemas de cálculo numérico, puede ser interesante calcular el inverso del número de condicionamiento, $1/\kappa(\bar{A})$. Este nuevo número puede interpretarse como sigue, si $1/\kappa(\bar{A})$ es del orden de magnitud de 10^{-d} , los elementos del vector solución, x , podrán tener d cifras significativas menos de precisión que las que tenían los datos de entrada, \bar{A} e y . Consecuentemente, si los errores de los datos de entrada exceden el parámetro $1/\kappa(\bar{A})$ o bien si $1/\kappa(\bar{A})$ es despreciable frente la unidad, puede ser que la solución obtenida para x no tenga ninguna cifra significativa.

También puede encontrarse una explicación más gráfica al problema del mal condicionamiento de una matriz. Puede demostrarse también que

$$\frac{\|\delta x\|}{\|x\|} \leq \frac{\lambda_{\max}}{\lambda_{\min}} \quad (6.29)$$

donde el error en la solución se relaciona con los autovalores máximo y mínimo de la matriz. Recordando lo visto en los métodos iterativos de minimización de funciones cuadráticas {5.3-4}, las distintas soluciones intermedias que se obtenían podían interpretarse gráficamente como puntos en un espacio N-dimensional que se iban acercando al punto solución, que se encontraba en el centro de unos elipsoides concéntricos. Los ejes de esos elipsoides son proporcionales a los autovalores de la matriz. Cuanto mayor sea la diferencia entre los autovalores, mayor será el grado de achatamiento de los elipsoides y por lo tanto peor el número de condicionamiento del sistema de ecuaciones. En la Fig. 6.1 se ilustra este fenómeno. En la elipse de la izquierda, caso de buen condicionamiento, se aprecia que los autovalores son del mismo orden de magnitud, por lo tanto la solución es robusta a pequeños errores. En cambio, la elipse de la derecha es un claro ejemplo de mal condicionamiento, y en ella pequeños errores en los parámetros del sistema pueden producir grandes errores en la determinación de la solución.

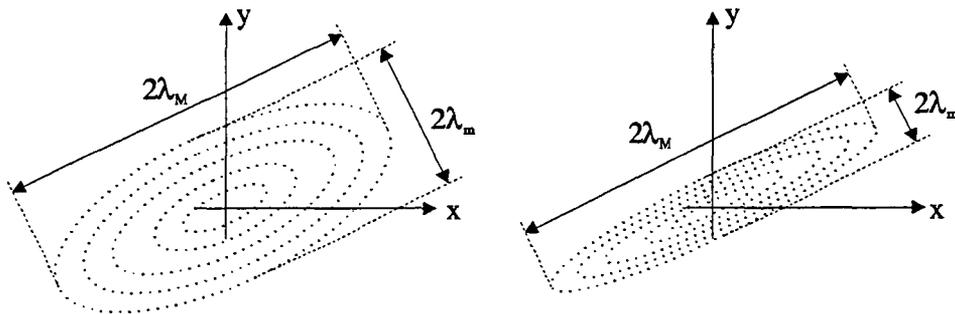


Fig. 6.1 Significado geométrico de un sistema bien condicionado (izquierda) y mal condicionado (derecha).

En casos de muy mal condicionamiento, cuando la matriz es casi singular, incluso el cambio del formato de coma flotante de doble a simple precisión puede desencadenar errores en la solución final debido al truncamiento.

6.4.3.2 Precondicionamiento y regularización de sistemas de ecuaciones

Dado un problema de mal condicionamiento, en inglés "ill-posed", existen distintas herramientas que permiten transformarlo en un problema bien condicionado, o al menos mejorar ese mal condicionamiento. Esas alternativas pueden dividirse en dos grandes familias: el **precondicionamiento**, quizás la más extendida, y la **regularización**. La división se ha realizado según la forma en que afectan a la solución, y que determina la forma de actuar sobre la matriz original.

El **precondicionamiento** trata de transformar el sistema a resolver en otro equivalente que tenga la misma solución y sea mucho más estable a la hora de invertir. En cambio, la **regularización** se basa en perturbar la matriz de forma que mediante la reducción de su número de condicionamiento aumente la estabilidad del proceso de inversión. En este último caso ya se sabe que la solución estable obtenida no es la exacta, sino una de aproximada. Es fácil deducir que mediante este segundo método aparece un compromiso entre estabilidad del sistema y precisión en la solución.

En principio el **precondicionamiento** es el sistema óptimo ya que permite aumentar la estabilidad al mismo tiempo que se mantiene la solución exacta, mientras que con la **regularización de entrada** se renuncia a esa solución exacta.

6.4.3.2.1 Precondicionamiento

El precondicionamiento de una matriz, en su forma más sencilla, consiste en multiplicar todo el sistema $\bar{A} \cdot x = y$ por una matriz \bar{B} con el objetivo de mejorar su número de condicionamiento y estabilizar el proceso de inversión. Entonces se resuelve el sistema equivalente

$$\bar{B} \cdot (\bar{A} \cdot x) = \bar{B} \cdot (y) \quad (6.30)$$

La dificultad de esta técnica consiste en la obtención de la matriz \bar{B} adecuada. No existe una receta universal y es habitual encontrarla en base a un conocimiento "a priori" de la estructura del problema físico a resolver. Una forma rápida, y a veces eficiente, de obtener la matriz de precondicionamiento consiste en probar con $(\bar{A}^d)^{-1}$, donde \bar{A}^d es una matriz diagonal que contiene los valores de la diagonal de \bar{A} , finalmente el sistema a resolver es

$$(\bar{A}^d)^{-1} \cdot (\bar{A} \cdot x) = (\bar{A}^d)^{-1} \cdot (y) \quad (6.31)$$

Por desgracia esta alternativa no se ha mostrado eficiente con el problema de la inversión de (6.23). En cambio, se ha probado con éxito como precondicionador del problema directo, de entrada mejor condicionado, ya que mejora la convergencia del método del gradiente conjugado permitiendo la reducción del número de iteraciones para una determinada cota de error.

También pueden plantearse otro tipo de transformaciones en la matriz mal condicionada, como por ejemplo utilizar [Ortega '89][Golub '83]

$$\hat{A} = \bar{S} \cdot \bar{A} \cdot \bar{S}^* \quad (6.32)$$

con \bar{S} una matriz no singular de forma que reduzca el número de condicionamiento de la matriz original. Entonces el sistema a resolver es

$$\hat{A} \cdot \hat{x} = \hat{b} \quad (6.33)$$

con

$$\hat{x} = (\bar{S}^*)^{-1} \cdot x \quad y \quad \hat{b} = \bar{S} \cdot b \quad (6.34)$$

En teoría la mejor elección sería $\bar{S} = \bar{A}^{-1/2}$ que proporcionaría $\hat{A} = \bar{I}$ y por tanto un sistema trivial de ecuaciones, pero desgraciadamente esta aproximación no es práctica. Por otro lado, y de forma similar al primer sistema de preconditionamiento presentado, la forma más simple consiste en utilizar una matriz diagonal, $\bar{S} = \bar{D}$, aunque en general no introduce una gran mejora en la reducción del número de condicionamiento del sistema resultante.

6.4.3.2 Regularización

En este caso, y como ya se ha indicado, se encuentra una solución matemáticamente estable y cercana a la correcta. Recordando que este proceso de regularización forma parte de un proceso iterativo, no parece demasiado grave que la solución obtenida en una de las iteraciones no sea la exacta, más si se tiene en cuenta que para llegar al sistema de ecuaciones a invertir se han realizado aproximaciones que pueden distorsionar la solución más que el propio proceso de regularización.

El proceso de regularización utilizado es la llamada **regularización de Tikhonov**, en honor del matemático ruso, [Sarkar '81b] [Tikhonov '87]. Dado un sistema de ecuaciones $\bar{A} \cdot x = y$ y la regularización consiste en resolver

$$(\bar{A} \cdot \bar{A}^* + g\bar{I}) \cdot x = \bar{A}^* \cdot y \quad (6.35)$$

Según la elección de la constante g se perturbará más o menos el sistema y la solución será más o menos parecida a la correcta: existe un compromiso entre estabilidad y calidad de la solución.

6.4.3.3 Estabilización del proceso iterativo

Para estabilizar el proceso iterativo es necesario asegurar que:

1. La inversión de (6.23) sea lo suficientemente estable como para poder obtener un incremento de contraste con suficientes cifras significativas.
2. Los sucesivos contrastes obtenidos durante el proceso iterativo converjan hacia el contraste real.

La regularización de Tikhonov permite cubrir ambos aspectos. En primer lugar, la regularización estabiliza el proceso de obtención del incremento de contraste reduciendo su

número de condicionamiento mediante el filtrado de las componentes espectrales de alta frecuencia de la solución. En segundo lugar, al filtrar la solución obtenida, también estabiliza el proceso iterativo. En las primeras iteraciones, y a no ser que se disponga de una muy buena estimación inicial del objeto, los incrementos de contraste están muy afectados por el error en la aproximación de Born implícita en el proceso. Por ello es necesario atenuar esos incrementos iniciales para evitar que el proceso iterativo diverja.

Recordando que el sistema de ecuaciones a invertir es

$$[\Delta E_{i,n}^{med}] \approx [\bar{K} \cdot (I - \bar{C}_n \cdot \bar{G})^{-1} \cdot \bar{E}_{i,n}] \cdot \Delta C_n = \bar{D} \cdot \Delta C_n \quad (6.36)$$

y aplicando el método de los mínimos cuadrados se obtiene

$$\bar{D}^* \cdot [\Delta E_{i,n}^{med}] = \bar{D}^* \cdot \bar{D} \cdot \Delta C_n \quad (6.37)$$

donde la matriz $\bar{D}^* \cdot \bar{D}$ presenta en general un número de condicionamiento muy elevado. La regularización de Tikhonov propone resolver el siguiente sistema en vez del original

$$\Delta C_n = (\bar{D}^* \cdot \bar{D} + g\bar{I})^{-1} \cdot \bar{D}^* [\Delta E_{i,n}^{med}] \quad (6.38)$$

siendo \bar{I} la matriz identidad y g el factor de regularización a escoger. Un proceso de regularización demasiado estricto puede producir la reducción de la resolución espacial del algoritmo y al mismo tiempo la ralentización de la convergencia. Al mismo tiempo, la regularización es más necesaria en las primeras iteraciones, mientras que en las últimas, al mejorarse el cumplimiento de la hipótesis de Born, puede relajarse. Por ello la elección del factor de regularización es el siguiente [Joachimowicz '91]

$$g = \alpha \left[\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \bar{D}^* \cdot \bar{D}(i,i) \right] [\text{err} E_n^{med}]^2 \quad (6.39)$$

esta expresión involucra a los siguientes términos

1. α es el parámetro de regularización que expresa el orden del factor de regularización y se determina experimentalmente en función de la dimensión del problema inverso. Como se verá a continuación su elección no es excesivamente crítica.

2. La traza de $\bar{D}^* \cdot \bar{D}$ reduce la diferencia entre el mayor y el menor de los autovalores de la matriz, mejorando su número de condicionamiento, y por lo tanto su estabilidad.
3. El error cuadrático medio del campo dispersado para ir reduciendo progresivamente el peso del factor de regularización a lo largo del proceso iterativo.

Al irse reduciendo el factor de regularización, al final del proceso también aumentará el número de condicionamiento de la matriz a invertir. Con las pruebas realizadas hasta el momento, los máximos números de condicionamiento alcanzados permiten encontrar suficientes cifras significativas en los últimos incrementos de contraste, por ello no se ha introducido ningún método de preconditionamiento en las últimas iteraciones. Para casos mayores a los estudiados o mucho más inhomogéneos sí podría ser necesaria su inclusión.

Las primeras pruebas se han realizado sobre un cilindro de músculo sin información "a priori" para comprobar como afecta la variación de la regularización en el comportamiento del algoritmo. Los parámetros de la simulación son los siguientes

PARÁMETROS DEL TOMÓGRAFO		
$f = 1 \text{ GHz}$	NAE = 32	$\epsilon_0 = 78.0 -j3.6$
$R = 8.6 \text{ cm}$	NAR = 32	$\lambda_0 = 3.4 \text{ cm}$
PARÁMETROS DE LA RECONSTRUCCIÓN		
Resolución: P.D. $0.1 \cdot \lambda_0$ / P.I. $0.1 \cdot \lambda_0$		Malla 15 x 15
Iteraciones 14		$\alpha = \text{Variable}$

Donde f es la frecuencia de trabajo, R el radio de la agrupación de antenas, NAE el número de antenas emisoras, NAR el número de antenas receptoras activas para cada vista, ϵ_0 la permitividad del medio externo, P.D. la resolución utilizada para resolver el problema directo, P.I. la resolución utilizada para resolver el problema inverso (este aspecto se tratará en {6.4.4}), Malla el número de celdas de la discretización y α el parámetro de la regularización de Tikhonov.

La Fig. 6.2 muestra como varía el factor g y el número de condicionamiento de la matriz del problema inverso, κ , en función de los distintos valores de α .

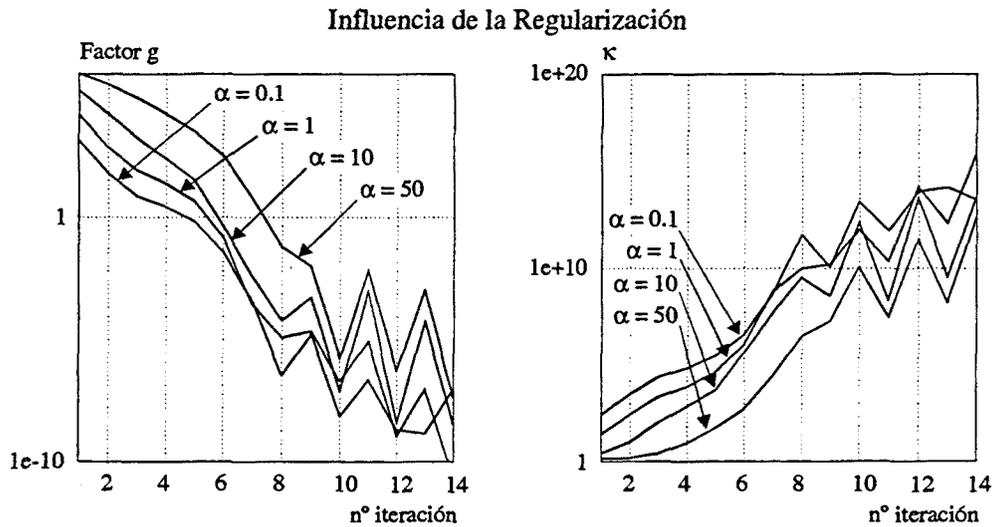


Fig. 6.2 Influencia de la elección del parámetro de regularización en el factor de regularización y en el número de condicionamiento.

En las primeras iteraciones el proceso de regularización es fuerte, lo que obliga a que el número de condicionamiento sea bajo. A medida que la reconstrucción avanza y se reduce el error en los campos dispersados, Fig. 6.3, la regularización disminuye y el número de condicionamiento empeora.

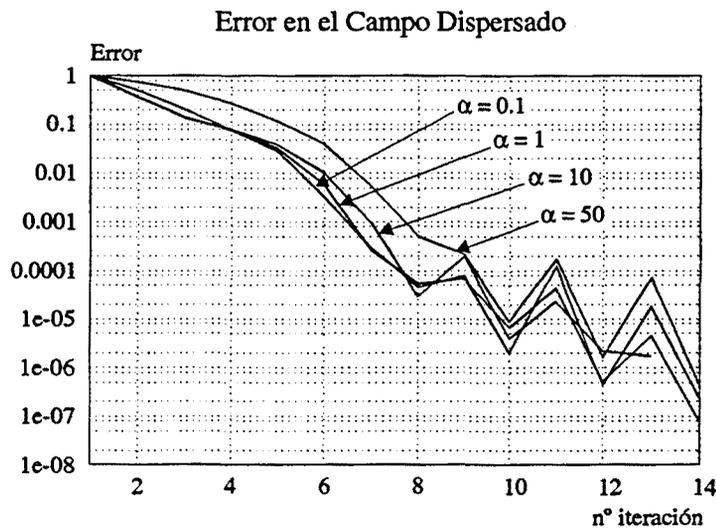


Fig. 6.3 Evolución del error en el campo dispersado en función del parámetro de regularización.

Con la reducción del error en el campo dispersado las variaciones de contraste obtenidas son cada vez mejores y su error va disminuyendo hasta estabilizarse, Fig. 6.4.

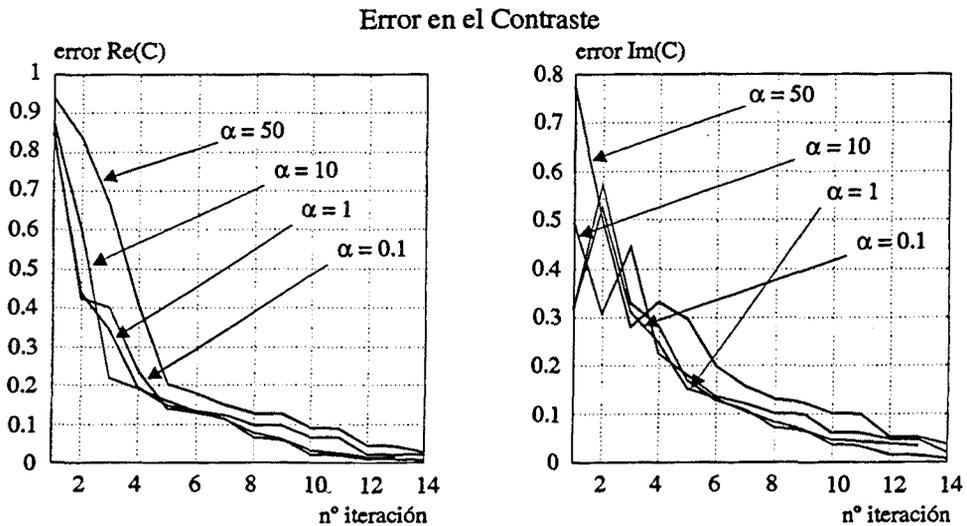


Fig. 6.4 Evolución del error en el contraste en función del parámetro de regularización.

Finalmente la Fig. 6.5 muestra la imagen reconstruida del cilindro de músculo para $\alpha = 10$, presentando un corte a lo largo de su diámetro de las partes reales e imaginarias del contraste.

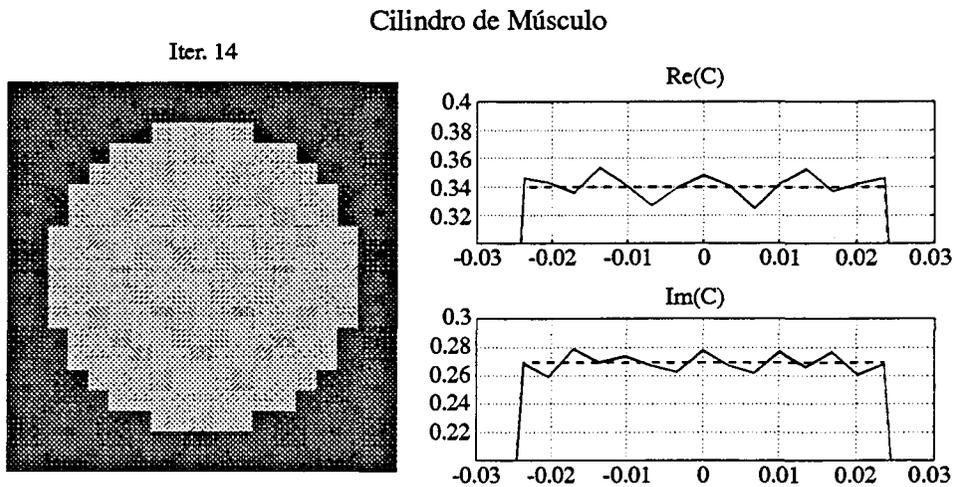


Fig. 6.5 Mapa de contraste obtenido en la iteración 14 del cilindro de músculo. En línea discontinua la distribución exacta de contraste.

El aumento del valor del parámetro de regularización α ralentiza el proceso de convergencia, pero su elección no aparece como un parámetro crítico ya que en todos los casos se ha llegado a errores muy parecidos de la función contraste, aunque con distintas velocidades. Las simulaciones han demostrado que únicamente es necesario precisar el orden de magnitud del factor de regularización para alejar al algoritmo de la inestabilidad, ya que la convergencia hasta cierta cota puede lograrse al margen del valor concreto escogido.

6.4.4 Reconstrucción con cambio de resolución entre el problema directo y el problema inverso

De la forma como se han ido planteando todos los sistemas de ecuaciones durante el desarrollo del algoritmo se presupone que la discretización es la habitual a la del caso TM, es decir la dimensión de cada una de las celdas en que se discretiza el problema es una décima parte de la menor longitud de onda presente en el problema. Esa discretización es necesaria para asegurar que el campo eléctrico sea constante en cada una de las celdas. Como en la mayor parte de los casos estudiados el medio externo es el de mayor permitividad no es ningún problema para el algoritmo determinar el paso de discretización a emplear. También se conoce que los campos dispersados medidos son, en principio, poco sensibles a variaciones de permitividad mucho menores a las de la longitud de onda. Por lo tanto, puede suponerse que intentar resolver el problema inverso con la misma resolución del directo puede ser una pérdida de tiempo, ya que nunca la resolución obtenida en las imágenes podrá ser tan buena como la utilizada por el algoritmo.

Recordando que la expresión a invertir es

$$[\Delta E_{i,n}^{med}] = \bar{D} \cdot \Delta C_n \quad (6.40)$$

resulta interesante encontrar un método que reduzca la dimensión del sistema de ecuaciones. Parece también lógico que disminuir el número de incógnitas, pero manteniendo el número de datos, permitirá la mejora del número de condicionamiento del sistema así como la estabilidad del proceso. El precio a pagar será una pérdida de resolución, que como se verá en ejemplos posteriores no será tan grave.

Para facilitar los cálculos de los distintos programas se pasa de una resolución de $0.1\lambda \times 0.1\lambda$ a una de $0.n\lambda \times 0.n\lambda$, con n un número impar. Hay que remarcar que con el cambio de resolución el número de incógnitas del sistema de ecuaciones (6.40) se reduce en un factor de n^2 , lo que comporta una notable disminución del tiempo de cálculo en la obtención del incremento de contraste.

Existen dos posibles criterios sobre los que efectuar la compresión del sistema de ecuaciones:

1. El primer criterio consiste en integrar el campo eléctrico difractado para reducir n^2 celdas de alta resolución a una de baja resolución. Con este nuevo campo eléctrico se calcula el campo dispersado y a partir del error se actualiza el contraste con el sistema de ecuaciones de baja resolución. Esta opción no permite obtener buenos resultados, ya que la integración del campo produce variaciones fuertes en el campo dispersado que introducen graves errores en la actualización del contraste. Por ello se ha desechado.

2. Se considera que en la discretización de alta resolución el contraste varía poco entre celdas vecinas con lo que éstas pueden agruparse y sustituirse por otra de valor promedio, por lo tanto, con esta restricción únicamente hay que promediar los n^2 miembros de \bar{D} que multiplican a las n^2 celdas de alta resolución que formarán la de baja resolución del sistema (6.40), tal como muestra la Fig. 6.6

$$[\Delta E_{i,n}^{med}] = \bar{D} \cdot \Delta C_n \rightarrow [\Delta E_{i,n}^{med}] = \bar{D}' \cdot \Delta C'_n \quad (6.41)$$

finalmente se resuelve el sistema comprimido

$$\Delta C'_n = (\bar{D}' \cdot \bar{D}' + g\bar{I})^{-1} \cdot \bar{D}' \cdot [\Delta E_{i,n}^{med}] \quad (6.42)$$

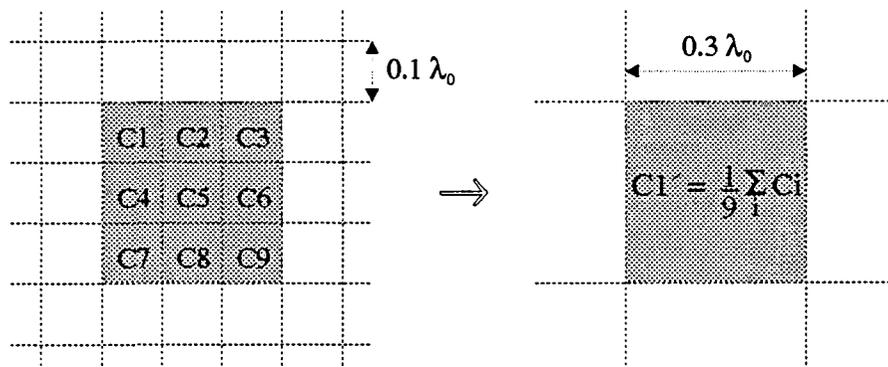


Fig. 6.6 Cambio de resolución por promediado de contraste en el problema inverso.

La mejora del número de condicionamiento permite suavizar el parámetro de regularización. Para mejorar la calidad de la imagen final, el contraste de baja resolución es sometido a una interpolación bilineal para recuperar la resolución inicial.

En principio esta técnica puede aplicarse a cuerpos que de por sí cumplan las premisas de partida y cuya resolución sea aproximadamente del orden de la del sistema de ecuaciones comprimido. En el apartado de resultados se comentarán las limitaciones del método. A continuación se presenta un ejemplo de un bloque de músculo, $\epsilon = 46.0 - j12.0$, que cumple las condiciones de compresión de forma ideal. Los parámetros de la simulación son los siguientes

PARÁMETROS DEL TOMÓGRAFO		
$f = 3 \text{ GHz}$	$\text{NAE} = 16$	$\epsilon_0 = 77.0 - j14.4$
$R = 8.5 \text{ cm}$	$\text{NAR} = 16$	$\lambda_0 = 1.14 \text{ cm}$
PARÁMETROS DE LA RECONSTRUCCIÓN		
Resolución: P.D. $0.1 \cdot \lambda_0$ / P.I. $0.3 \cdot \lambda_0$		Malla 21 x 21
Iteraciones 16		$\alpha = 10$

Debido a la disminución del número de condicionamiento, el error en el campo dispersado cae de forma mucho más abrupta que en otros caso, Fig. 6.7.

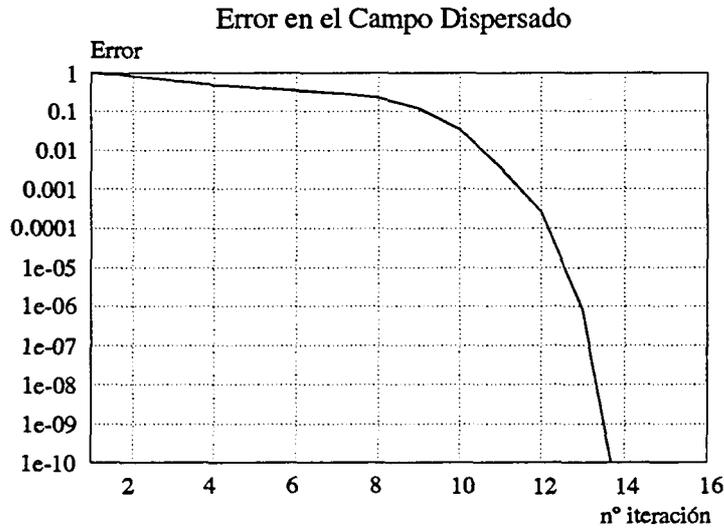


Fig. 6.7 Evolución del error en el campo dispersado.

Por la misma razón la calidad en la reconstrucción del contraste es muy buena, tal como puede observarse en la evolución de su error, Fig. 6.8.

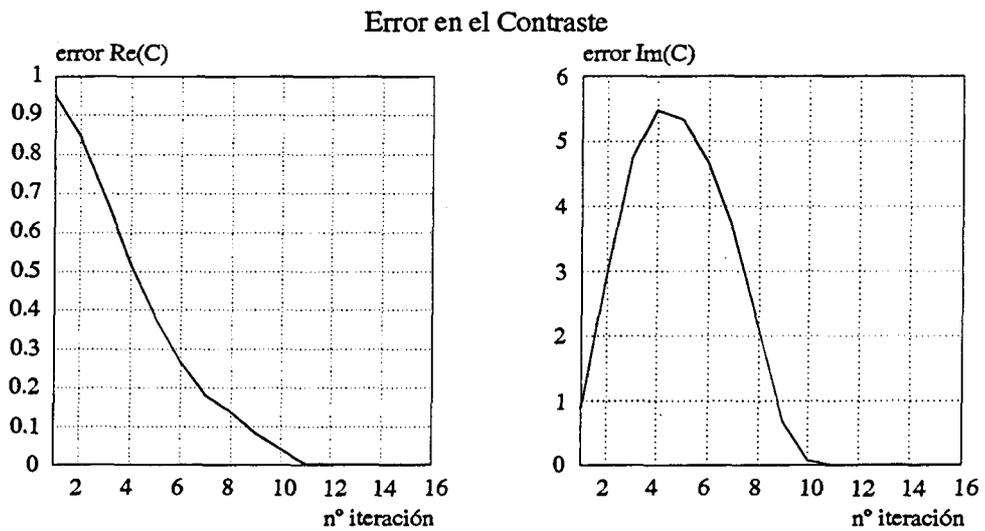


Fig. 6.8 Evolución del error en el contraste.

Observando la imagen obtenida en la iteración número 11, Fig. 6.9, puede deducirse que un incumplimiento de estas condiciones tan ideales, por ejemplo desplazar toda la figura una celda a la derecha, haría empeorar la calidad de la imagen final. En el apartado de resultados

se muestran reconstrucciones más realistas en baja resolución que mostrarán las limitaciones de la compresión, pero su utilidad en algunos casos.

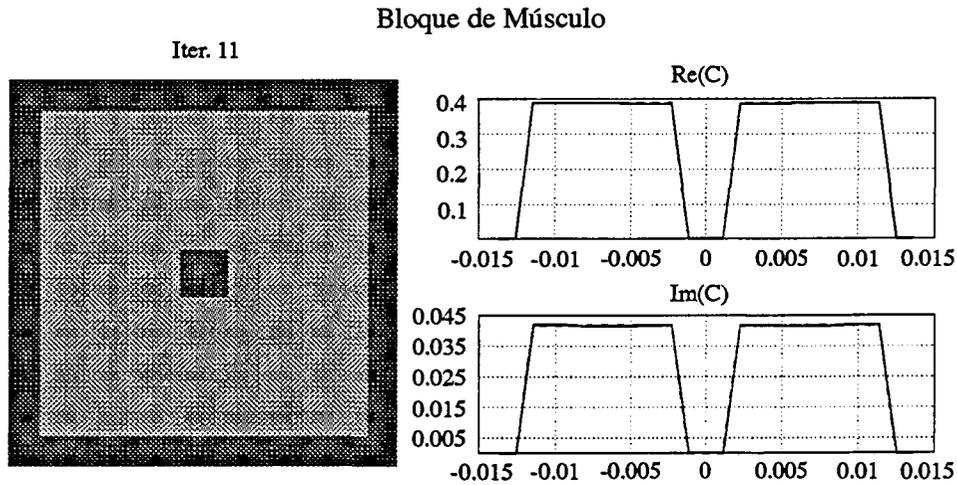


Fig. 6.9 Imagen reconstruida del bloque de músculo.

6.4.5 Número de antenas del sistema de medida

En el estudio del algoritmo de Born ya se había planteado la problemática de encontrar el número de antenas del sistema para tener la información suficiente para un correcto funcionamiento del algoritmo inverso {4.3.2.1}, la expresión que se había obtenido era

$$\frac{4 \pi R_{util}}{\lambda_0} \leq NAE \leq \frac{8 \pi R_{util}}{\lambda_0} \quad (6.43)$$

aunque la cota inferior de la desigualdad era suficientemente restrictiva. El número de antenas necesario dependía del radio máximo eléctrico del objeto, R_{util}/λ_0 . El incumplimiento de la condición en el algoritmo de recubrimiento espectral ocasionaba aliasing en la imagen final, ya que ésta se obtenía directamente invirtiendo el espectro obtenido a partir de los campos dispersados. También se había observado que aumentar el número de antenas por encima de lo necesario no mejoraba la calidad final de las reconstrucciones.

Las simulaciones realizadas demuestran que para el método de la pseudoinversa también puede aplicarse el mismo criterio. En caso de submuestreo de los campos dispersados no pueden reconstruirse de forma correcta los cuerpos, aunque en algunos casos las imágenes

tengan una calidad aceptable. En el apartado de resultados se presentan algunos ejemplos de objetos complejos reconstruidos con un número de antenas inferior al requerido {6.5.3}.

De la misma manera puede plantearse que volumen de información es necesario para poder efectuar una reconstrucción, suponiendo ahora que se cumple Nyquist. En teoría, lo ideal sería tener el mismo número de ecuaciones que de incógnitas, lo que equivale a

$$NAE \times NAR = N_x \times N_y \quad (6.44)$$

con NAE el número de antenas emisoras de la agrupación, NAR el número de antenas receptoras activas en cada vista, y N_x , N_y el número de celdas de la malla de reconstrucción con la que se discretiza el objeto. La Fig. 6.10 muestra el número de antenas emisoras para un tomógrafo que sólo tenga activa parte de la agrupación en recepción para cumplir las dos cotas del criterio (6.43) (se ha supuesto el peor caso, cuando el objeto ocupa toda la malla) y el criterio (6.44) para una malla cuadrada.

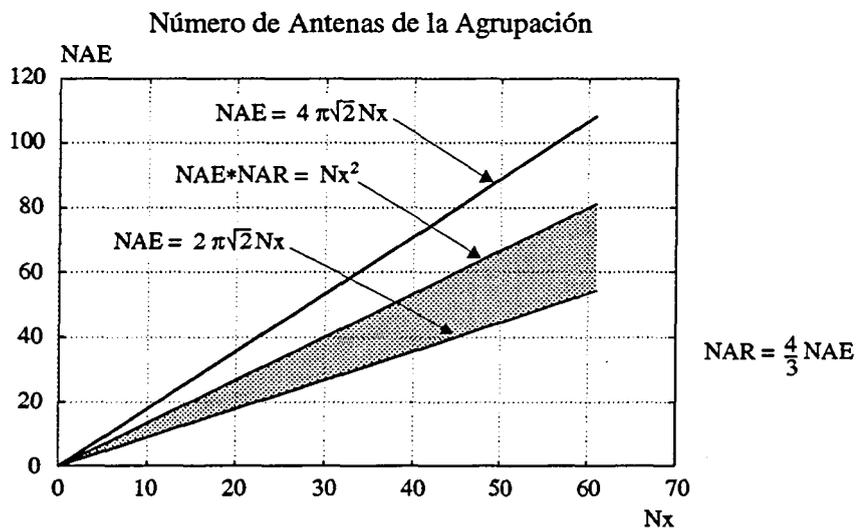


Fig. 6.10 Número de antenas emisoras necesario en función del criterio de diseño.

Las simulaciones han demostrado que el algoritmo funciona a pesar de obtener sistemas de ecuaciones subdimensionados, pero siempre que se cumpla la cota inferior del criterio de muestreo.

Finalmente se presentan unas simulaciones básicas del cilindro de músculo en las que se ha variado el número de antenas para conseguir sistemas de ecuaciones cada vez más sobredimensionados. Con ello se pone de manifiesto que con este algoritmo se aumenta la

calidad de la reconstrucción sobremuestreando, hasta cierto límite, los campos dispersados. El precio a pagar es el aumento del número de condicionamiento ya que se incrementa el número de ecuaciones, pero éstas son también muy similares. Las diferencias entre ellas se corresponden con la información contenida en los modos más altos del desarrollo modal del campo dispersado, que como se vio en {3.2.2.2} decaían fuertemente. En un caso práctico la mejora quedaría enmascarada por el ruido, los errores de medida y el margen dinámico de medida disponible.

La Fig. 6.11 muestra la evolución del error en el campo dispersado. Al aumentar el número de ecuaciones muy por encima de Nyquist no hay diferencia con el número de antenas utilizado.

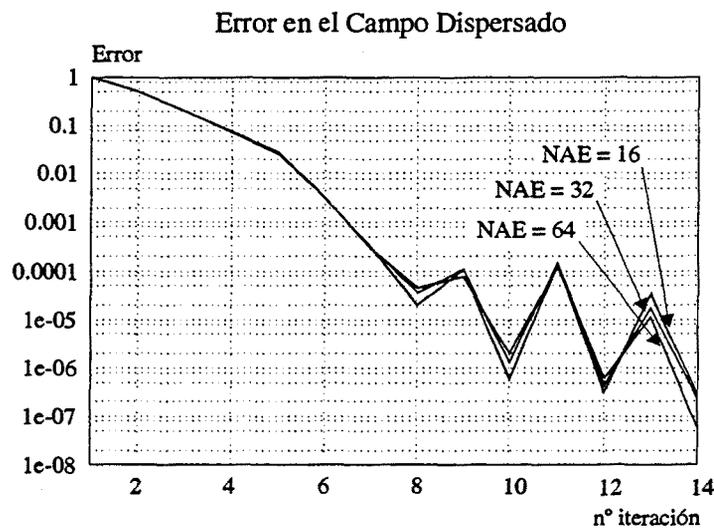


Fig. 6.11 Evolución del error en el campo dispersado en función del número de antenas de la agrupación.

En cambio en la evolución del error en el contraste reconstruido, Fig. 6.12, se aprecia que con un mayor número de antenas el resultado final es mejor, aunque no existe diferencia entre utilizar 32 o 64 antenas ya que este último sobremuestreo no aporta información extra al algoritmo.

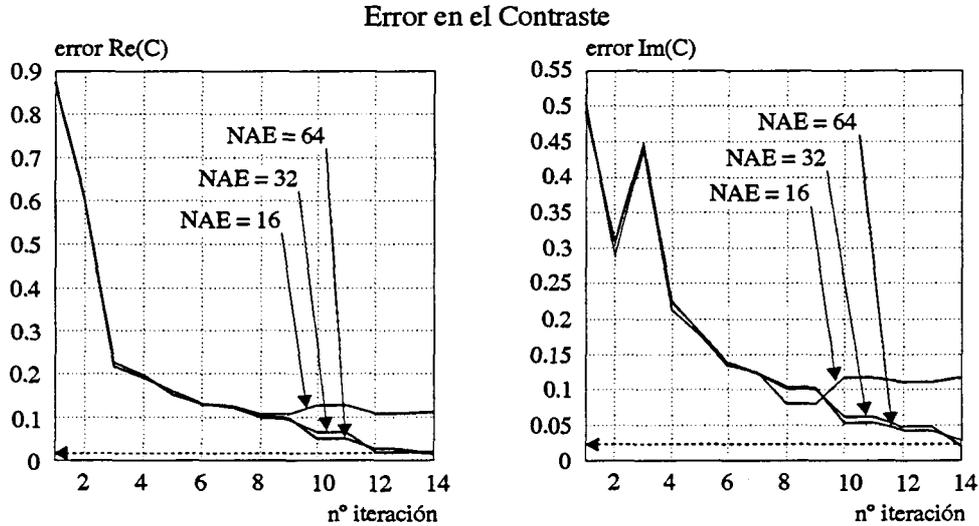


Fig. 6.12 Evolución del error en el contraste en función del número de antenas de la agrupación.

En general el criterio de diseño óptimo se encuentra en la zona sombreada de la Fig. 6.10.

6.4.6 Reconstrucción de campos afectados por el ruido

Si se incluye ruido en los campos dispersados medidos, para simular de forma más realista un caso real, el comportamiento del algoritmo varía. Mediante la inclusión de ruido gaussiano en los campos del cilindro de músculo se ha observado que conocida la relación S/N, definida como

$$S/N = 10 \log \left(\frac{\sum_{i=1}^{NAE} \|E_i^{med}\|^2}{\sum_{i=1}^{NAE} \|E_i^{ruido}\|^2} \right) \tag{6.45}$$

puede determinarse el punto donde el algoritmo dejará de mejorar el contraste reconstruido. Para alcanzar un nivel de calidad de imagen es necesario poder discernir entre ciertos valores cercanos de campo, cuando el ruido los enmascara el algoritmo ya no puede mejorar el error en el campo dispersado, produciéndose un fenómeno de saturación en su evolución tal como muestra la Fig. 6.13.

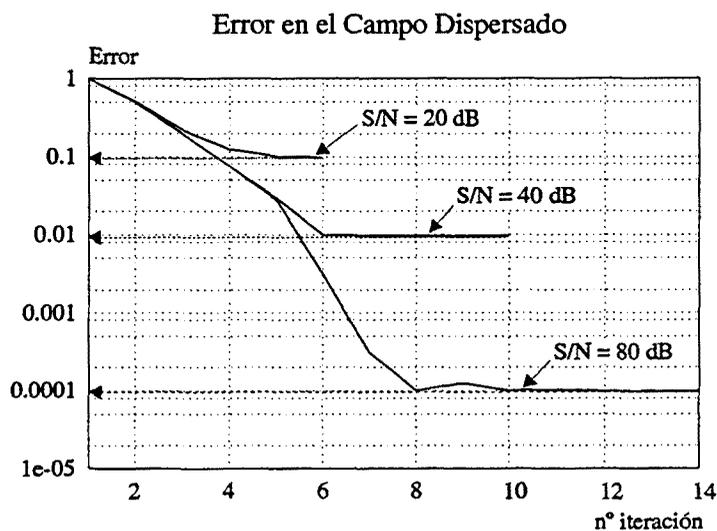


Fig. 6.13 Saturación en la evolución del error en el campo dispersado debido a diversos niveles de ruido.

Además, el efecto del ruido contribuye negativamente en la reconstrucción de contraste ya que aunque el algoritmo mantiene el nivel de error alcanzado en el campo dispersado, busca nuevas distribuciones solución que siendo matemáticamente correctas, se alejan de la real provocando la divergencia en la evolución de los errores de contraste, Fig. 6.14.

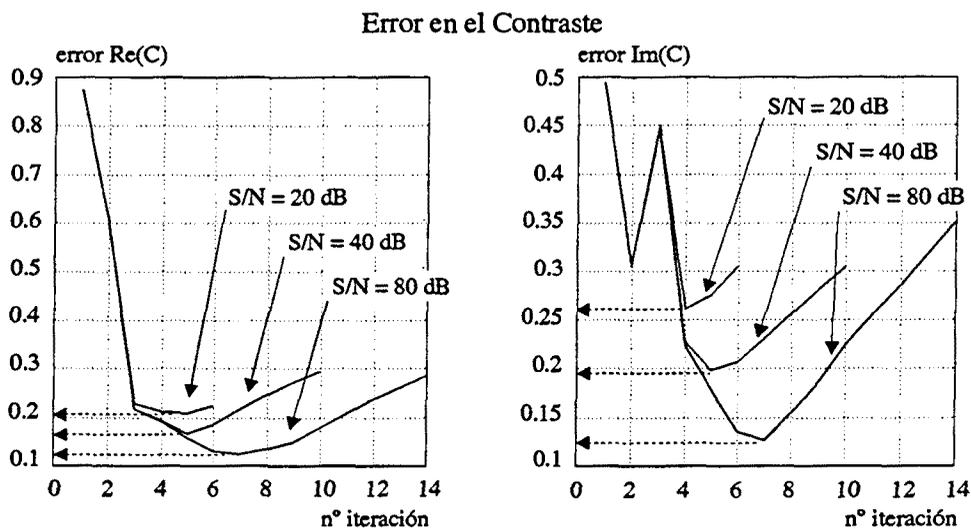


Fig. 6.14 Divergencia del error en el contraste debido a diversos niveles de ruido.

Estos resultados se extrapolan a todas las simulaciones realizadas, de forma que para una determinada sección del cuerpo y una calidad de imagen buscada, puede determinarse una cota de la S/N necesaria, dada por el error a alcanzar en los campos dispersados. Esta información es indispensable a la hora de diseñar un sistema tomográfico orientado a una determinada aplicación.

6.4.7 Adaptación del medio externo al objeto

El prototipo de tomógrafo de microondas, ROSCO {2.6}, del que se van a obtener las medidas reales para probar los algoritmos, utiliza agua como medio externo. Debido al diseño de las antenas no es posible variarlo. La mayor parte de las simulaciones se han realizado con agua, aunque la elección de otro medio externo más adaptado mejora el comportamiento del algoritmo. Esa mejora se debe a dos razones principales. En primer lugar, el contraste disminuye, con lo que el objeto es menos difractante y son mejores las aproximaciones de Born en las primeras iteraciones. En segundo lugar, la mejor adaptación permite que los campos dispersados contengan más información asociada a zonas más internas del cuerpo.

Utilizando el modelo básico de cilindro de músculo, {6.4.3.3}, se han probado distintos medios externos. La Fig. 6.15 muestra como la convergencia es más rápida con el aumento de la adaptación, aunque al final las cotas de error obtenidas son parecidas en todos los casos.

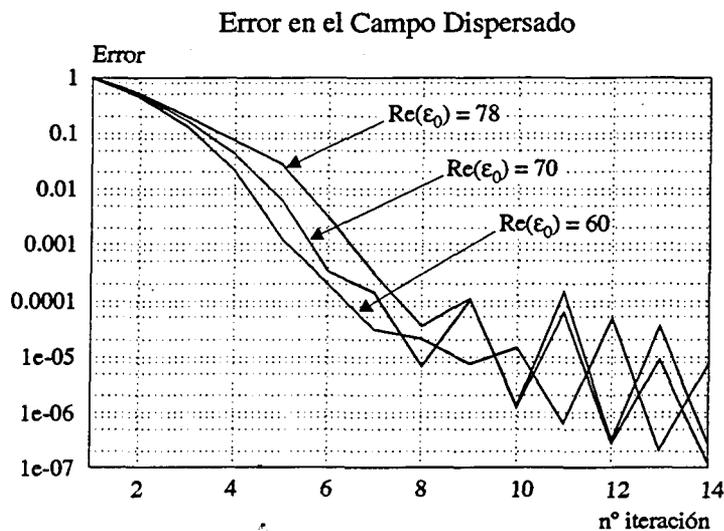


Fig. 6.15 Evolución del error en el campo dispersado en función de la adaptación del medio externo.

Las gráficas del error en la permitividad reconstruida, Fig. 6.16, permiten observar que para la misma cota de error de campo dispersado, el error en el objeto reconstruido es menor cuanto más adaptado está el medio externo. En este caso los errores se han calculado sobre la permitividad ya que ésta es constante, mientras el contraste del objeto varía con el cambio de medio externo.

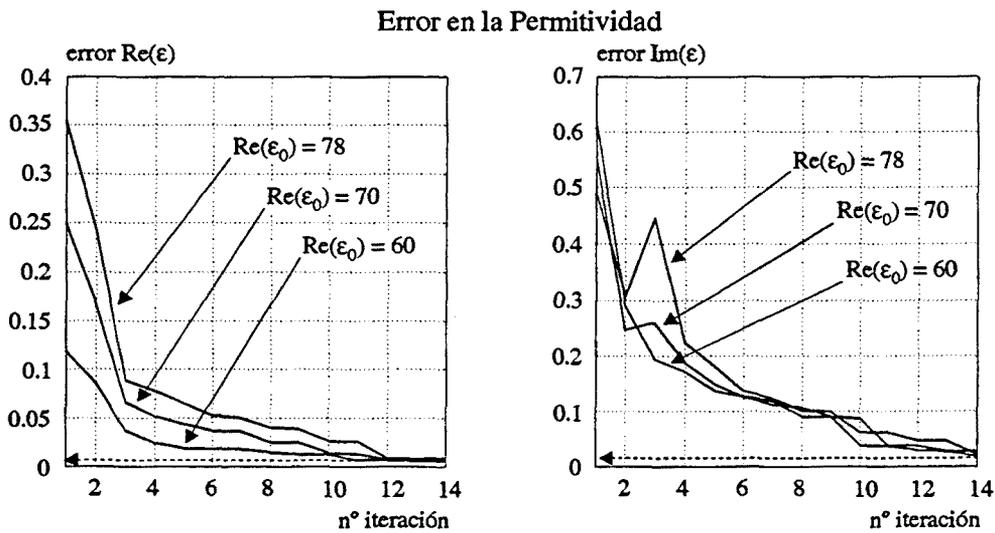


Fig. 6.16 Evolución del error en la permitividad en función de la adaptación del medio externo.

6.5 RESULTADOS

En este apartado se comentarán algunas de las simulaciones realizadas que muestran el buen comportamiento de algoritmo para cuerpos más complejos y eléctricamente más grandes que los presentados hasta el momento. Los resultados se han agrupado por temas dejando para el final la reconstrucción de medidas reales, de esta forma puede accederse de forma sencilla a las simulaciones con unas determinadas características. La mayoría de los resultados se han obtenido a partir de dos únicos modelos: cuello, {Ap. B.6} y tórax, {Ap. B.7}. Esos modelos reúnen algunas características que los hacen interesantes, en primer lugar son lo suficientemente inhomogéneos y complejos como para probar el comportamiento del algoritmo, y en segundo lugar son lo suficientemente grandes como para estar lejos de condiciones de idealidad.

6.5.1 Simulaciones básicas

En primer lugar se presentan un par de simulaciones en condiciones ideales. Al algoritmo iterativo se le suministrará una información "a-priori" consistente en el contorno exacto y los valores exactos de permitividad y distribución de alguno de sus tejidos.

En primer lugar se presenta un modelo de antebrazo, {Ap. B.4}, en un sistema con las siguientes características

PARÁMETROS DEL TOMÓGRAFO		
$f = 1 \text{ GHz}$	$\text{NAE} = 64$	$\epsilon_0 = 78.0 - j3.6$
$R = 17.3 \text{ cm}$	$\text{NAR} = 64$	$\lambda_0 = 3.4 \text{ cm}$
PARÁMETROS DE LA RECONSTRUCCIÓN		
Resolución: P.D. $0.1 \cdot \lambda_0$ / P.I. $0.1 \cdot \lambda_0$		Malla 33×27
Iteraciones 12		$\alpha = 100$

Como muestra la Fig. 6.17, la información "a priori" es muy completa y por lo tanto el resultado final, tras 12 iteraciones, se ajusta mucho a la distribución original de contraste. La Fig. 6.18 muestra la evolución de los errores en el campo dispersado, en el contraste reconstruido y la influencia de la regularización en el número de condicionamiento del problema inverso. Como era de esperar, el número de condicionamiento del problema directo permanece constante y bajo a lo largo de las iteraciones, este comportamiento es general a todas las simulaciones

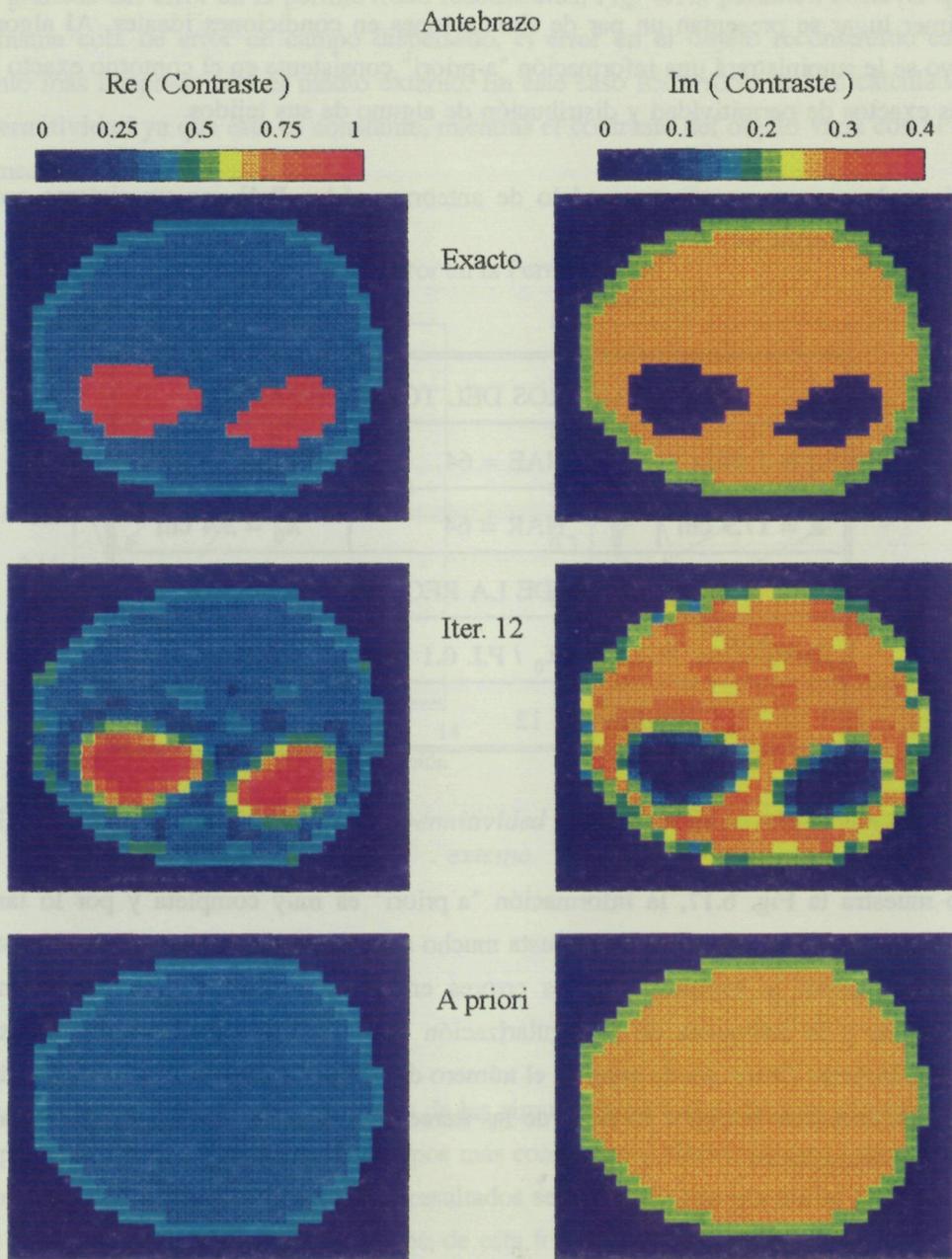


Fig. 6.17 Reconstrucción de un antebrazo, {Ap. B.4}, bajo condiciones ideales.

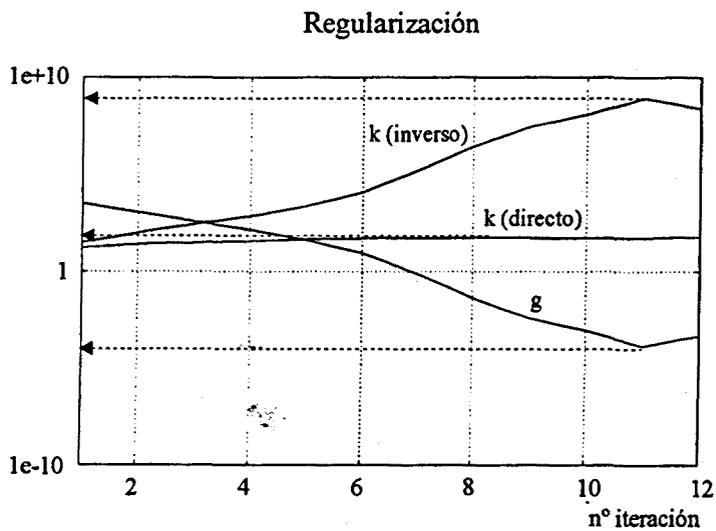
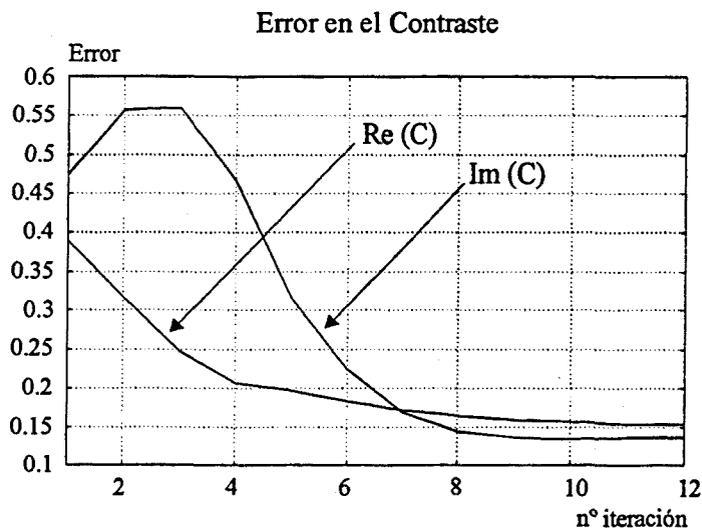
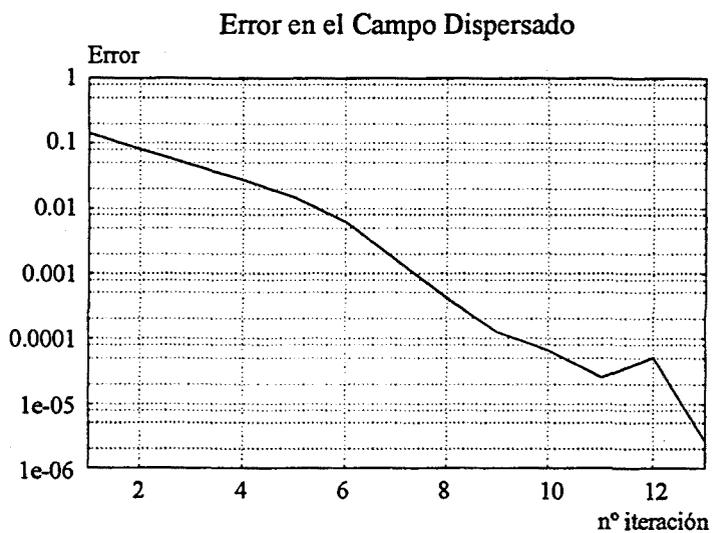


Fig. 6.18 Gráficas de la reconstrucción del antebrazo, {Ap. B.4}.

También se ha reconstruido un cráneo humano, {Ap. B.3}, con las siguientes características

PARÁMETROS DEL TOMÓGRAFO		
$f = 700 \text{ MHz}$	$\text{NAE} = 64$	$\epsilon_0 = 74.0 - j2.2$
$R = 25.4 \text{ cm}$	$\text{NAR} = 64$	$\lambda_0 = 50 \text{ cm}$
PARÁMETROS DE LA RECONSTRUCCIÓN		
Resolución: P.D. $0.1 \cdot \lambda_0$ / P.I. $0.1 \cdot \lambda_0$		Malla 33 x 41
Iteraciones 11		$\alpha = 100$

La Fig. 6.19 muestra el modelo original, el resultado en la onceava iteración y la información "a priori" suministrada al algoritmo. En este caso la información es muy completa, además del contorno exacto se suministra la capa de piel, la permitividad y distribución del hueso craneal y la permitividad de la materia gris. Debido a ello, y a pesar de la complejidad del modelo, la convergencia es muy rápida. Observando las gráficas de la Fig. 6.20 se deduce que en este caso, y debido a la gran desadaptación introducida por el cráneo, el margen dinámico necesario para una correcta reconstrucción es enorme, inalcanzable en un sistema real. Todos los cuerpos que introducen grandes desadaptaciones en sus capas más externas son muy difíciles de reconstruir. Al penetrar poco los campos en su interior, la contribución de los tejidos más internos al campo dispersado es muy pequeña en comparación con la contribución de la primera capa de tejido. Entonces la inversión es muy sensible a errores numéricos y, en un caso real, al ruido y errores de medida que limitan el margen dinámico de los campos dispersados medidos.

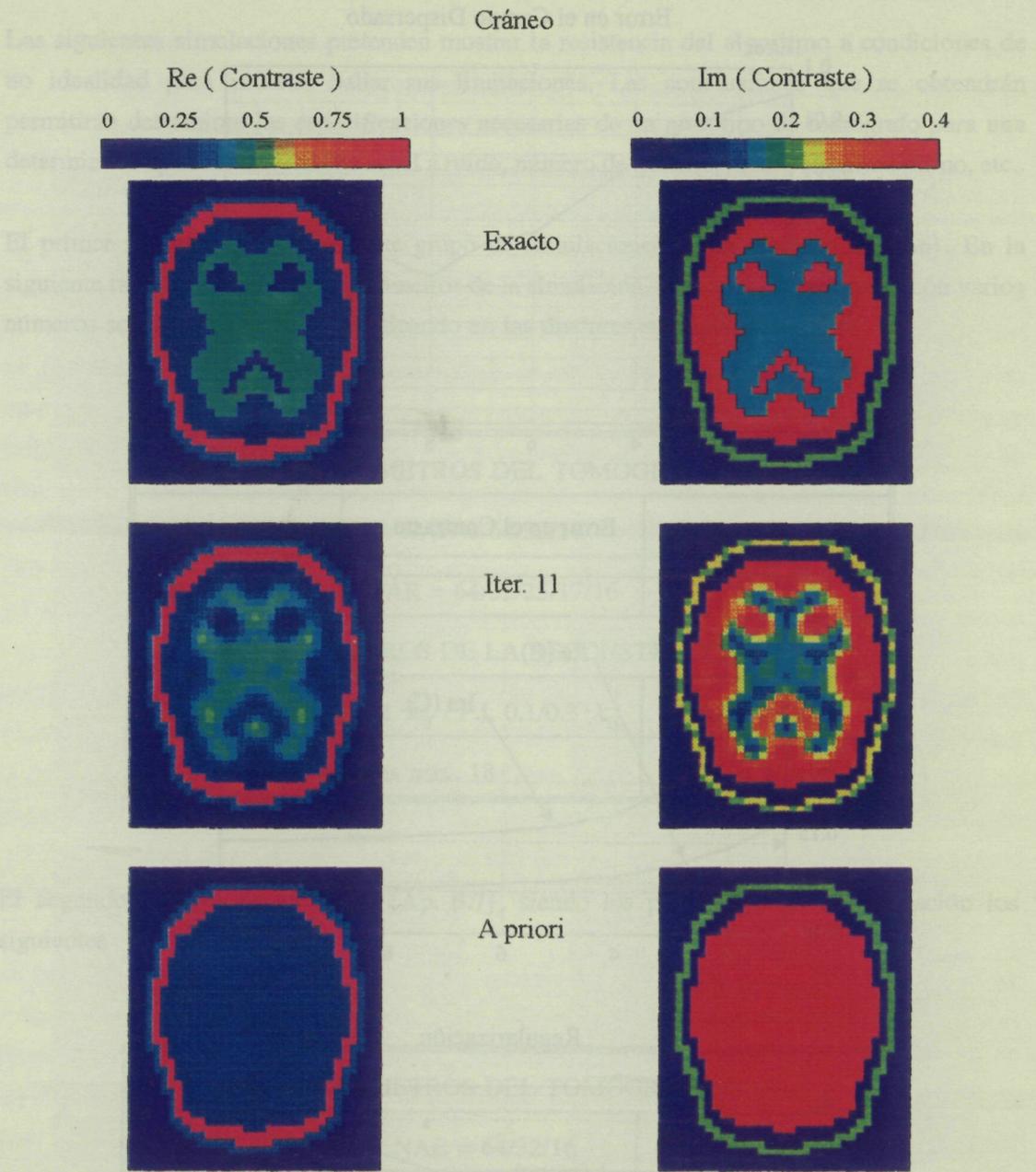


Fig. 6.19 Reconstrucción de un cráneo, {Ap. B.3}, en condiciones ideales.

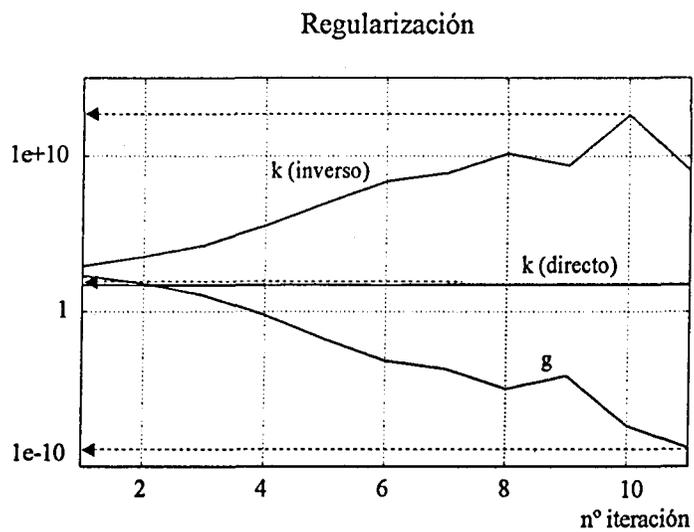
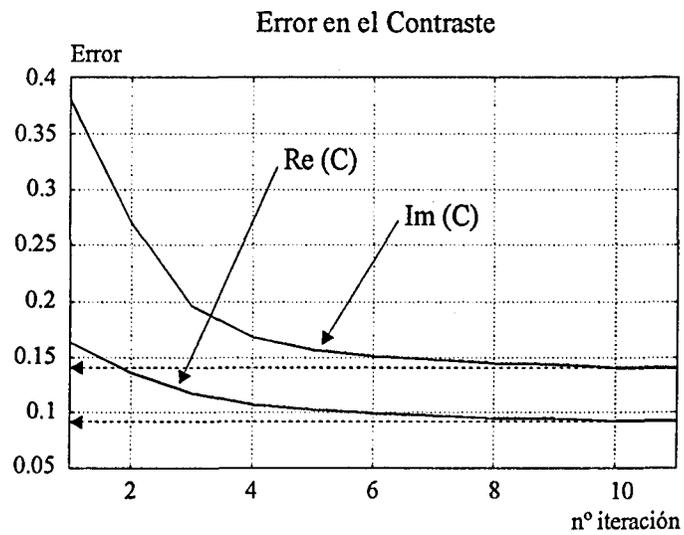
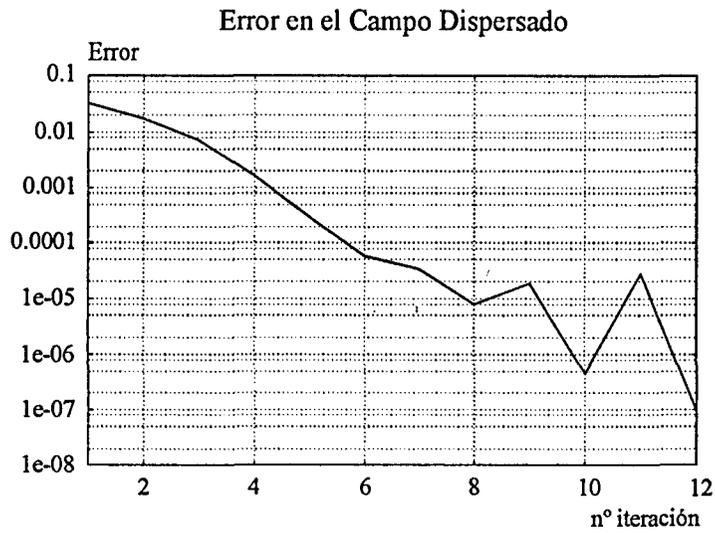


Fig. 6.20 Gráficas de la reconstrucción del cráneo, {Ap. B.3}.

Las siguientes simulaciones pretenden mostrar la resistencia del algoritmo a condiciones de no idealidad para intentar hallar sus limitaciones. Las conclusiones que se obtendrán permitirán determinar las especificaciones necesarias de un prototipo de tomógrafo para una determinada aplicación: relación señal a ruido, número de antenas, medio externo óptimo, etc..

El primer modelo utilizado en este grupo de simulaciones es un cuello, {Ap. B.6}. En la siguiente tabla se muestran los parámetros de la simulación. Aquéllos que aparecen con varios números son los que se irán modificando en las distintas simulaciones

PARÁMETROS DEL TOMÓGRAFO		
f = 1 GHz	NAE = 64/32/16	$\epsilon_0 = 78.0 - j3.6$
R = 11.2 cm	NAR = 64/32/25/17/16	$\lambda_0 = 3.4$ cm
PARÁMETROS DE LA RECONSTRUCCIÓN		
Resolución: P.D. $0.1 \cdot \lambda_0$ / P.I. $0.1/0.3 \cdot \lambda_0$		Malla 33 x 39
Iteraciones máx. 18		$\alpha = 10/100$

El segundo modelo es un tórax, {Ap. B.7}, siendo los parámetros de la simulación los siguientes

PARÁMETROS DEL TOMÓGRAFO		
f = 434 MHz	NAE = 64/32/16	$\epsilon_0 = 74.0 - j1.1$
R = 32.4 cm	NAR = 64/32/25/17	$\lambda_0 = 8.0$ cm
PARÁMETROS DE LA RECONSTRUCCIÓN		
Resolución: P.D. $0.1 \cdot \lambda_0$ / P.I. $0.1/0.3 \cdot \lambda_0$		Malla 51 x 39
Iteraciones máx. 18		$\alpha = 10/100$

En ambos casos la información "a priori" consiste en el contorno del cuerpo obtenido mediante el algoritmo de primer orden {4.3.4}, y la permitividad del músculo para el cuello

y la del pulmón para el tórax. Esas permitividades son muy parecidas a las que se obtienen en las primeras iteraciones utilizando el algoritmo de optimización iterativa {5.6}.

6.5.2 Reducción del número de antenas receptoras

En un prototipo real de tomógrafo no pueden utilizarse todas las antenas disponibles como receptoras, lógicamente esa reducción afecta a la calidad de las imágenes reconstruidas. Si se recuerdan las deducciones obtenidas para el algoritmo de primer orden, en {4.3.2.1} se mostraba que la reducción del número de antenas receptoras equivalía a un filtrado paso bajo de la imagen final. Las antenas más cercanas a la emisora eran las que proporcionaban información de las zonas de alta frecuencia del espectro del contraste, mientras que las más alejadas lo hacían de la zona más baja. Aunque ahora no se aplica la aproximación de Born de la misma manera, las conclusiones anteriores siguen siendo válidas. Las antenas más cercanas a la emisora miden un campo dispersado cuya mayor contribución proviene de las partes del cuerpo más cercanas a ella, esos campos son muy sensibles a pequeñas variaciones de las dimensiones del cuerpo. Por ejemplo, en los resultados del problema directo, {3.6}, los mayores errores en el campo dispersado en las antenas, comparado con la solución exacta, se encontraban en las antenas cercanas a la emisora, las que eran más sensibles a errores en la discretización. En cambio, las antenas opuestas a ella miden un campo dispersado que es la contribución de todo el cuerpo, conteniendo una información promedio de todos los tejidos. Los resultados obtenidos con las simulaciones concuerdan con las suposiciones presentadas.

Se presenta el modelo de tórax con 32 antenas emisoras y sucesivamente se reduce el de receptoras por vista de 32, Fig. 6.21, a 25 (3/4 de la agrupación), Fig. 6.22, y finalmente a 17 (1/2 de la agrupación), Fig. 6.23. Mirando la evolución tanto de las imágenes de contraste como del error en el campo dispersado, se observa que la reducción del número de antenas receptoras hace que la convergencia sea más rápida. La distribución interna de tejidos se hace visible antes, ya que el algoritmo no necesita tanto tiempo para ajustar los pequeños errores en el contorno que provocan errores elevados en las antenas cercanas a la emisora. Con menos antenas receptoras el algoritmo intenta desde el principio ajustar los valores internos de permitividad, que son los que contribuyen al campo dispersado. Al final, la calidad de la imagen empeora ligeramente con la pérdida de información. Una buen compromiso consiste en recibir con 3/4 de la agrupación.

Tórax (NAE = 32, NAR = 32)

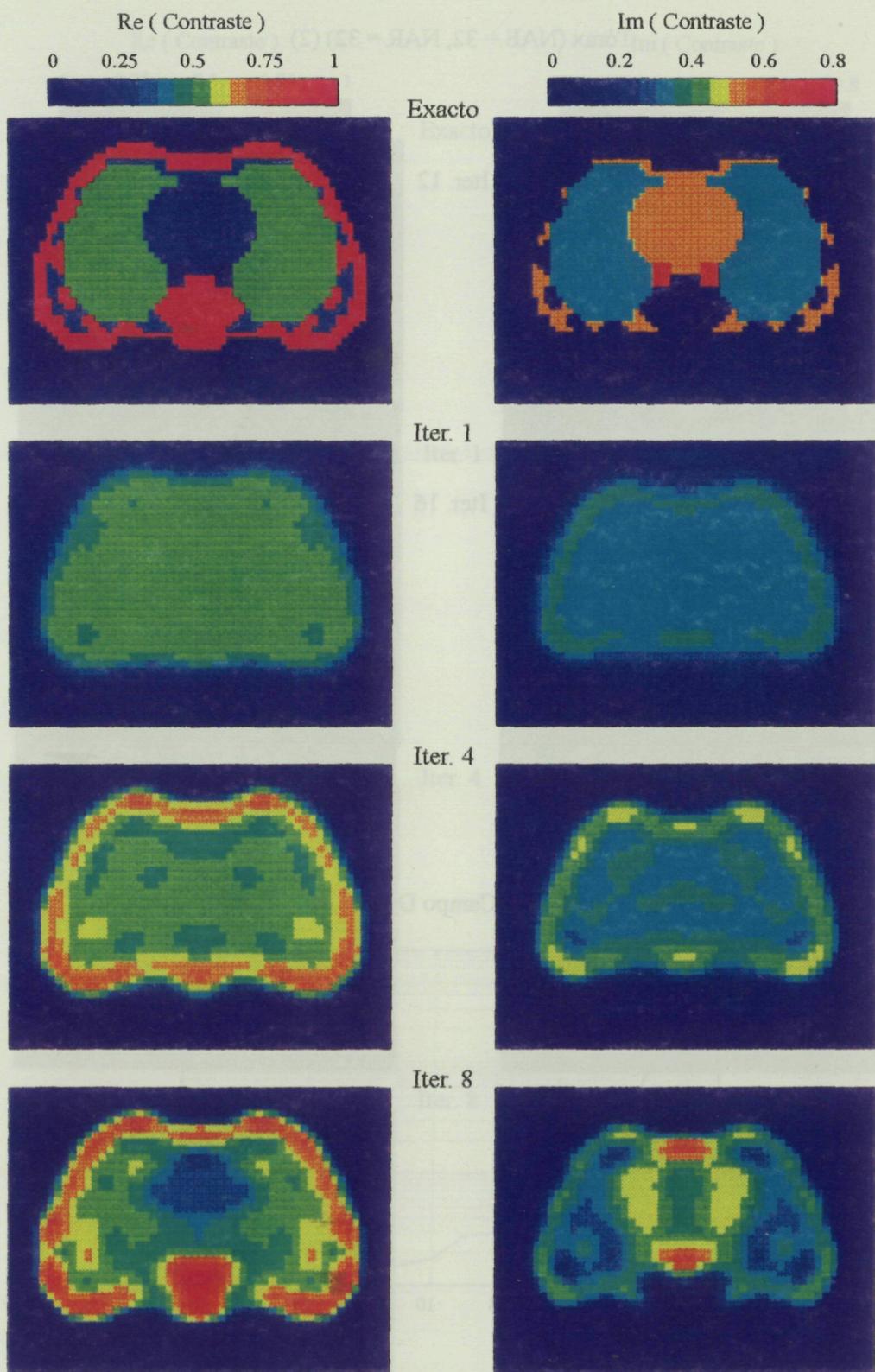
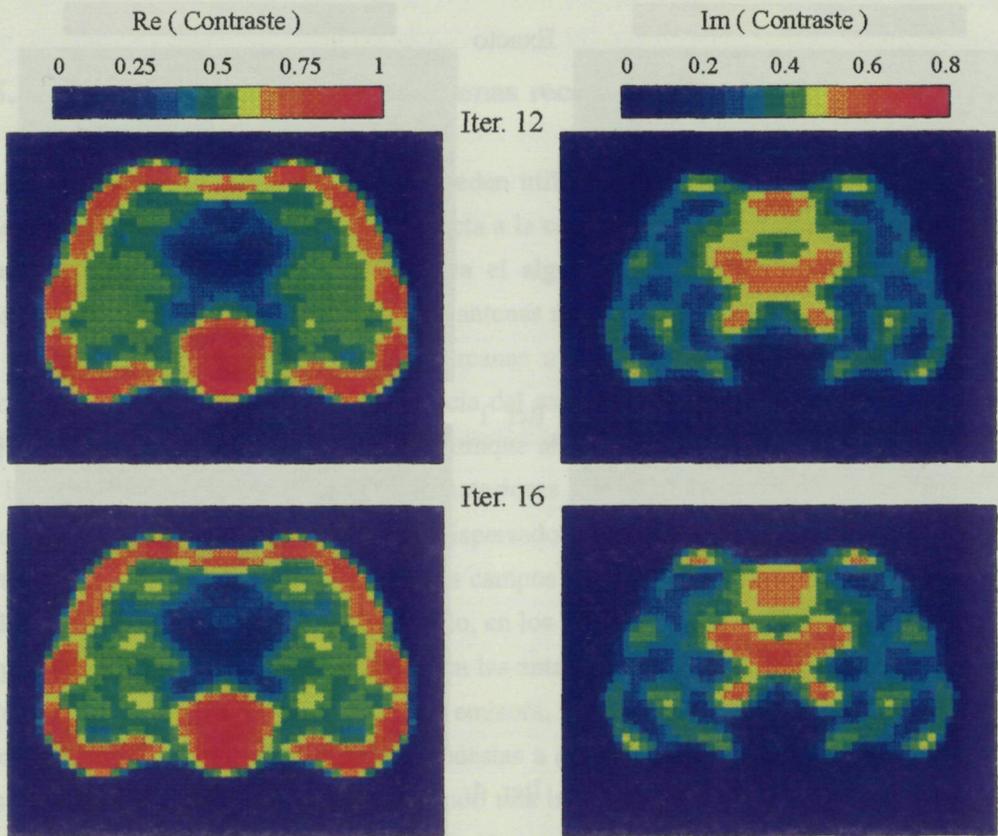


Fig. 6.21a Reconstrucción del modelo de tórax con NAE = 32 y NAR = 32.

Tórax (NAE = 32, NAR = 32) (2)



Error en el Campo Dispersado

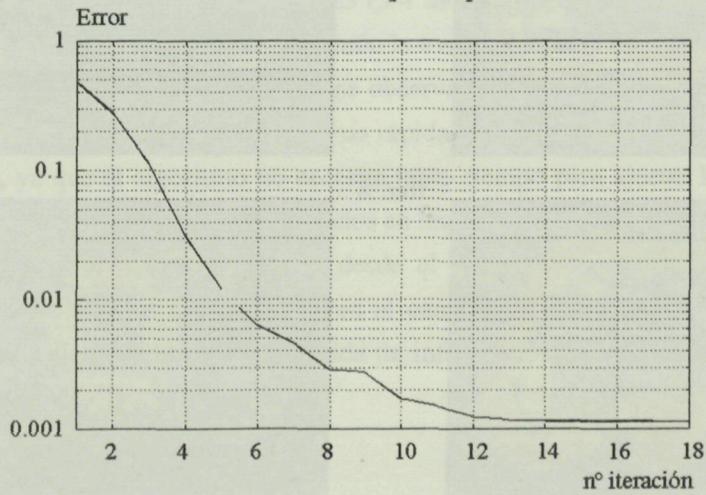


Fig. 6.21b Reconstrucción del modelo de tórax con NAE = 32 y NAR = 32.

Tórax (NAE=32, NAR=25)

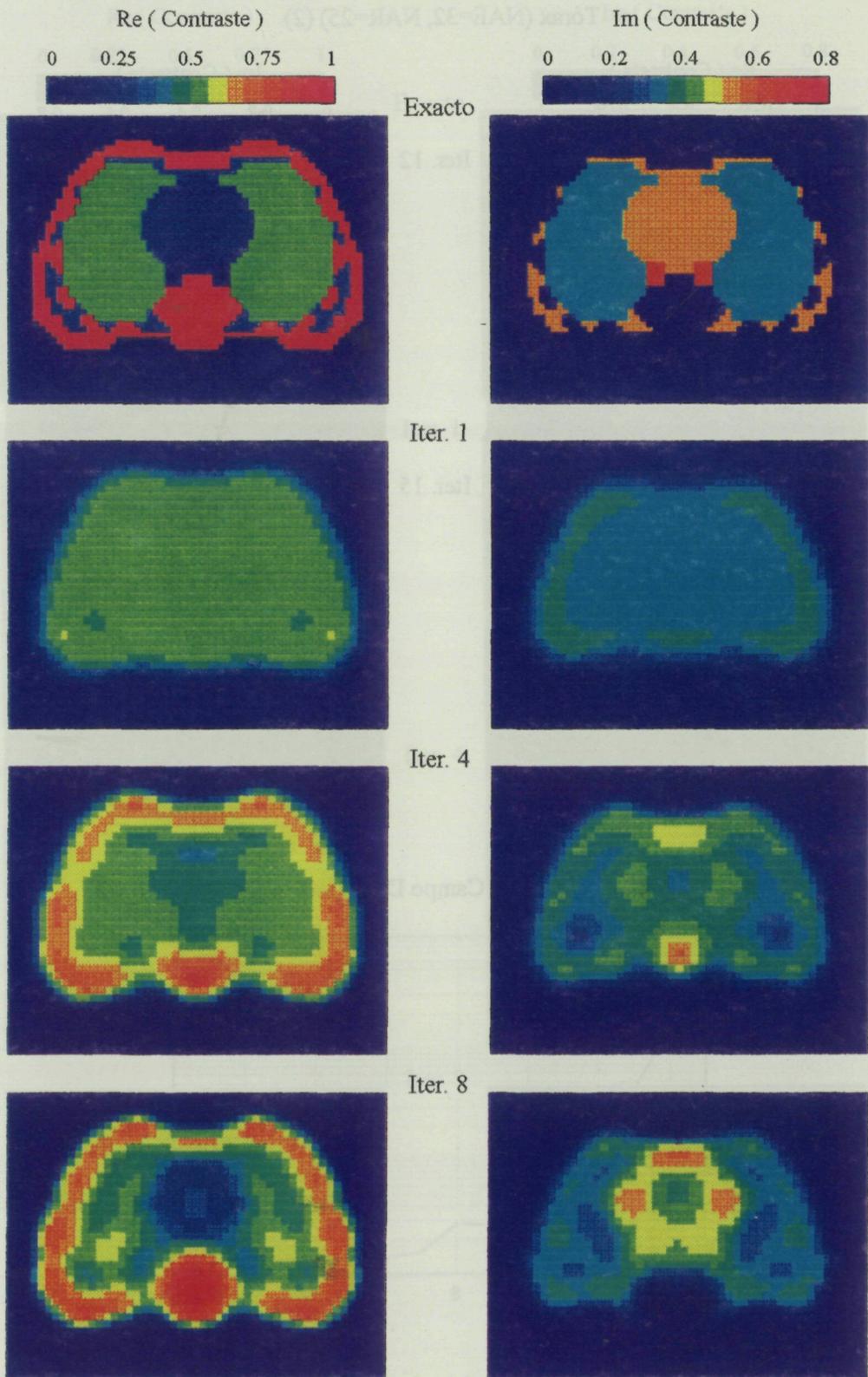


Fig. 6.22a Reconstrucción del modelo de tórax con $NAE = 32$ y $NAR = 25$.

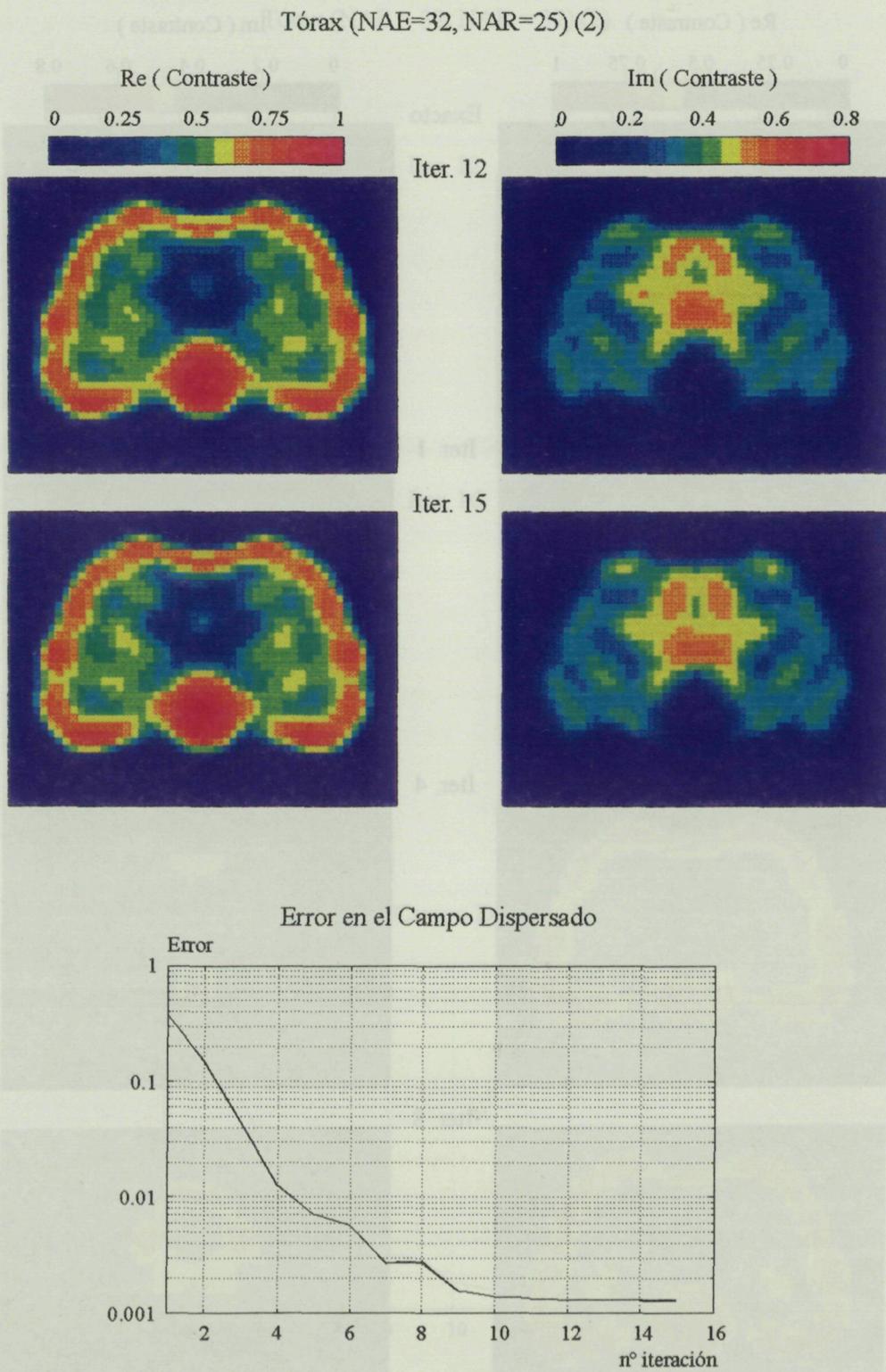


Fig. 6.22b Reconstrucción del modelo de tórax con $NAE = 32$ y $NAR = 25$.