

# Obtención de los parámetros ópticos de la piel usando algoritmos genéticos y MCML

B. Morales Cruzado y S. Vázquez y Montiel  
*Instituto Nacional de Astrofísica Óptica y Electrónica,  
Puebla, Pue. 72000 México.*

Recibido el 17 de mayo de 2011; aceptado el 8 de julio de 2011

En este trabajo presentamos los resultados obtenidos mediante un programa desarrollado para obtener los parámetros ópticos de la piel: coeficiente de absorción, coeficiente de esparcimiento y factor de anisotropía a partir de los valores medidos experimentalmente (la transmitancia total, transmitancia colimada y reflectancia difusa) de una muestra de tejido biológico. El programa basa su funcionamiento en algoritmos genéticos y en el método Monte Carlo para multicapas, que es del dominio público llamado *Monte Carlo Multi-Layered* (MCML). Finalmente, comparamos nuestros resultados con el modelo simplificado de Kubelka-Munk y con algunos resultados publicados en la literatura. Además, discutimos su importancia dentro de las aplicaciones médicas.

*Descriptores:* Monte Carlo; tejido biológico; algoritmo genético.

In this work we present the results obtained by means of a program developed to calculate the optical parameters of the skin: the absorption coefficient, the scattering coefficient and the scattering anisotropy factor starting from value experimentally measured (the total transmittance, the collimated transmittance and the diffuse reflectance) of a sample of biological tissue. The program bases its operation on genetic algorithms and in the method *Monte Carlo Multi-Layered* (MCML), that it is of the public domain. Finally, we compare our results with the simplified Kubelka-Munk's model and with some results published in the literature. Also, we discuss its importance inside the medical applications.

*Keywords:* Monte Carlo; biological tissue; genetic algorithm.

PACS: 87.64.Cc; 87.15.ak

## 1. Introducción

Las propiedades ópticas de los tejidos biológicos son importantes para la terapia fotodinámica y técnicas de diagnóstico debido a que éstas determinan la manera en que la luz interactúa con la materia [1–3]. Por lo general las propiedades ópticas se obtienen mediante el uso de soluciones de la ecuación de transporte radiativo que expresan cantidades medibles experimentalmente en términos de dichas propiedades ópticas. Estas soluciones, usualmente son aproximadas y tienen un intervalo de validez limitado [4]. Por ejemplo, la aproximación de difusión falla cuando el fenómeno ocurre cerca de la fuente, la teoría de Kubelka-Munk es sencilla y sólo se puede usar como una primera aproximación porque supone condiciones que no siempre se cumplen en la realidad. En cambio, el método Monte Carlo es flexible y proporciona una solución precisa [5].

En este artículo presentamos una metodología para determinar las propiedades ópticas de esparcimiento y absorción de los tejidos biológicos. Estas propiedades se obtienen simulando repetidamente el transporte de luz en un medio turbio hasta que la solución coincida con los valores medidos de reflectancia y transmitancia mediante un programa computacional. Las ventajas de esta metodología sobre las existentes son una mayor precisión y flexibilidad en el modelado de dichos medios. La principal desventaja es que este método consume mucho tiempo de cómputo.

Nuestro método se denomina Genetic Algorithms and Monte Carlo Multi-Layered (GA-MCML): MCML es el al-

goritmo propuesto por nosotros para calcular las propiedades de reflectancia y transmitancia ópticas del medio turbio y basa su funcionamiento en la interacción de la luz con la materia. El proceso de búsqueda de la mejor solución al problema inverso es mediante Algoritmos Genéticos que simula la evolución natural de las especies. El primer paso es crear una población de individuos con características aleatorias, a la cual se le aplican operadores evolutivos, que simulan la cruce y mutación de individuos. La población es evaluada dando mayor probabilidad de supervivencia a los individuos más aptos, en este caso los que tengan características de reflectancia y transmitancia similares a las experimentales. De esta manera, las nuevas generaciones tienden a exhibir soluciones más óptimas.

## 2. Propagación de la Luz

Los tejidos biológicos se caracterizan por presentar un “alto” grado de inhomogeneidad que es una consecuencia de la estructura celular, pues ésta contiene orgánulos (mitocondria y núcleo) de diversos tamaños y composiciones. Por lo tanto, la materia básica (constituyentes del tejido intracelular y extracelular) tiene un índice de refracción diferente a cada uno de los índices de refracción de los orgánulos [6].

El esparcimiento es un proceso físico en el que alguna forma de radiación es forzada a desviarse de su trayectoria rectilínea por una o más no uniformidades localizadas en el medio donde se propaga la radiación. De acuerdo con esta definición, la estructura de las células y las dimensiones de

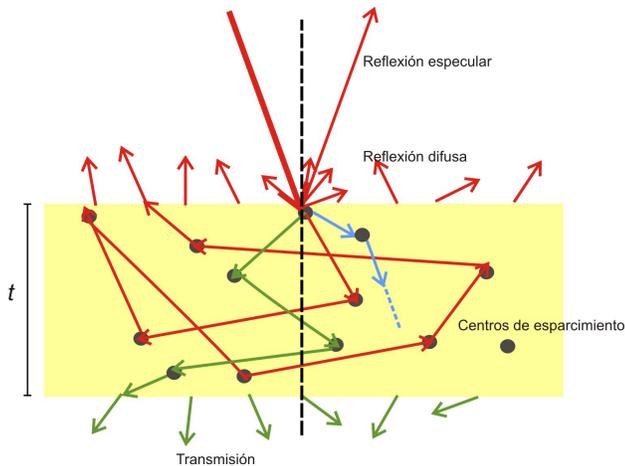


FIGURA 1. Esquema de reflexión difusa, transmisión y absorción de la luz.

los orgánulos son los responsables, en gran medida, del proceso de esparcimiento de luz por los tejidos biológicos.

Las reflexiones que no sufren esparcimiento son llamadas reflexiones especulares y las que si sufren esparcimiento son reflexiones difusas y contienen gran información acerca del tejido. En la Fig. 1 se puede observar la reflexión difusa de la luz que incide en una muestra de tejido, cuyo grosor es  $t$ , donde también ocurre el fenómeno transmisión y absorción de la luz.

**2.1. Arreglo Experimental**

Para medir experimentalmente la transmitancia y reflectancia difusas, se puede usar un sistema denominado “esferas integradoras”, el cual consiste en dos cavidades esféricas recubiertas por una superficie lambertiana altamente reflejantes. En la Fig. 2 se muestra un diagrama de este sistema y la configuración adecuada para medir simultáneamente las dos cantidades necesarias [7].

**3. Teoría simplificada de Kubelka-Munk**

La teoría de Kubelka-Munk se clasifica dentro de los métodos indirectos para determinar los parámetros ópticos de los tejidos biológicos usando el modelo teórico de la propagación de luz en un medio. El modelo desarrollado por Paul Kubelka

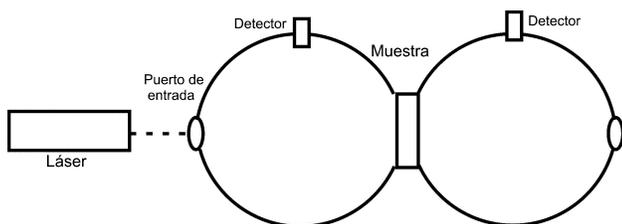


FIGURA 2. Esferas integradoras.

y Franz Munk, en principio fue diseñado para realizar estudios de cambio de color en una película protectora cuyas propiedades de absorción, esparcimiento y espesor eran conocidos [8], actualmente es usado para obtener parámetros ópticos de manera básica. Este modelo simplificado de transferencia radiativa, llamado de dos flujos, describe la propagación de la irradiancia a través de una muestra plana infinita de espesor  $t$  iluminada por una onda plana.

La ventaja de este modelo es que los coeficientes de absorción y esparcimiento se expresan directamente en términos de la transmitancia y reflectancia.

$$S = \frac{1}{bt} \ln \left[ \frac{1 - R_d(a - b)}{T_d} \right],$$

$$K = (a - 1)S \tag{1}$$

donde  $K$  y  $S$  son los coeficientes de Kubelka-Munk para la absorción y esparcimiento, respectivamente y sus unidades son inverso de longitud.

$$a = \frac{1 + R_d^2 - T_d^2}{2R_d}$$

$$b = +\sqrt{a^2 - 1} \tag{2}$$

y

$$K = 2\mu_a$$

$$S = \frac{3}{4}\mu_s(1 - g) - \frac{1}{4}\mu_a$$

$$\mu_t = \mu_a + \mu_s$$

$$\mu'_s = \mu_s(1 - g) > \mu_a \tag{3}$$

donde  $\mu_t$  se determina de la transmitancia colimada, basándose en la ley de Beer-Lambert, esto permite encontrar los tres parámetros ( $\mu_a$ ,  $\mu_s$  y  $g$ ) de los datos experimentales: transmitancia difusa, transmitancia colimada y reflectancia difusa ( $T_d$ ,  $T_c$  y  $R_d$ ).

Un haz colimado se atenúa por una capa de tejido de grosor  $t$  de acuerdo con la ley de Beer-Lambert

$$I(t) = (1 - R_F)I_0 \exp(-\mu_t t), \tag{4}$$

$I(t)$  es la intensidad de luz transmitida que se mide usando un fotodetector con una apertura pequeña a cierta distancia;  $R_F$  es el coeficiente de reflexión de Fresnel a incidencia normal,  $R_F = [(n - 1)/(n + 1)]^2$ ;  $n$  es el índice de refracción relativo entre el tejido y el medio que lo rodea;  $I_0$  es la intensidad de luz incidente; y  $\mu_t = \mu_a + \mu_s$  es el coeficiente de extinción.

La sencillez del modelo lo ha convertido en un método popular. Desafortunadamente, las suposiciones en las cuales se basa no se satisfacen realmente en la interacción de luz con tejidos. A pesar de intentar extenderlo para irradiancia colimada y esparcimiento anisotrópico, este método sigue siendo una aproximación pobre.

### 4. Método Monte Carlo

El método Monte Carlo se refiere a una colección de herramientas para estimar valores a través de muestreo y simulación. El método proporciona una solución aproximada a una variedad de problemas matemáticos realizando pruebas estadísticas en una computadora.

En todas las aplicaciones del método Monte Carlo, se construye un modelo estocástico en el cual el valor esperado de una cierta variable aleatoria (o combinación de varias variables) es equivalente al valor de una magnitud física determinada. Este valor esperado se estima con el promedio de múltiples muestras independientes representativas de la variable aleatoria introducida anteriormente. Para la construcción de la serie de muestras independientes, se usan números que siguen la distribución de la variable que se pretende estimar. El propósito del método es estimar magnitudes desconocidas de interés [9].

El modelado de la propagación de fotones con el método Monte Carlo es un enfoque riguroso pero flexible para simular el transporte de fotones. En éste método, las normas locales de transporte de fotones se expresan como distribuciones de probabilidad que describen la distancia de propagación de los fotones entre los sitios de interacción con los tejidos y los ángulos de desviación en la trayectoria del fotón, cuando se produce esparcimiento.

#### 4.1. Monte Carlo Multi-Layered (MCML)

En esta sección nos enfocamos en el método Monte Carlo Multi-Layered (MCML) desarrollado por Lihong Wang y Steven Jacques y que se caracteriza por un algoritmo preciso, a pesar de ser estocástico.

En el método de simulación Monte Carlo se usan tres sistemas de coordenadas al mismo tiempo. Un sistema de coordenadas Cartesiano que se usa para rastrear paquetes de fotones. El origen del sistema de coordenadas es el fotón en el punto incidente de la superficie del tejido, el eje  $z$  es siempre normal a la superficie y apunta hacia el interior del tejido, y el plano  $xy$  está por consiguiente en la superficie del tejido. Un sistema de coordenadas cilíndrico se usa para anotar la absorción del fotón  $A(r, z)$ , donde  $r$  y  $z$  son la coordenada radial y el eje  $z$  del sistema de coordenadas cilíndrico respectivamente. La reflectancia difusa y la transmitancia total se graban en la superficie del tejido en  $R_d(r, \alpha)$  y  $T_t(r, \alpha)$  respectivamente, donde  $\alpha$  es el ángulo entre el fotón que termina y la dirección normal (el eje  $-z$  para la reflectancia y el eje  $z$  para la transmitancia) a las superficies del tejido. Un sistema de coordenadas esférico que se mueve, cuyo eje  $z$  se alinea dinámicamente con la dirección de propagación del fotón, se usa para probar el cambio de dirección de propagación de un paquete de fotones. En este sistema de coordenadas esférico, la desviación se actualiza en términos de los cosenos directores del sistema de coordenadas Cartesiano.

El diagrama de flujo de Monte Carlo que se observa en la Fig. 3, consiste en lo siguiente: Se lanza un paquete de foto-

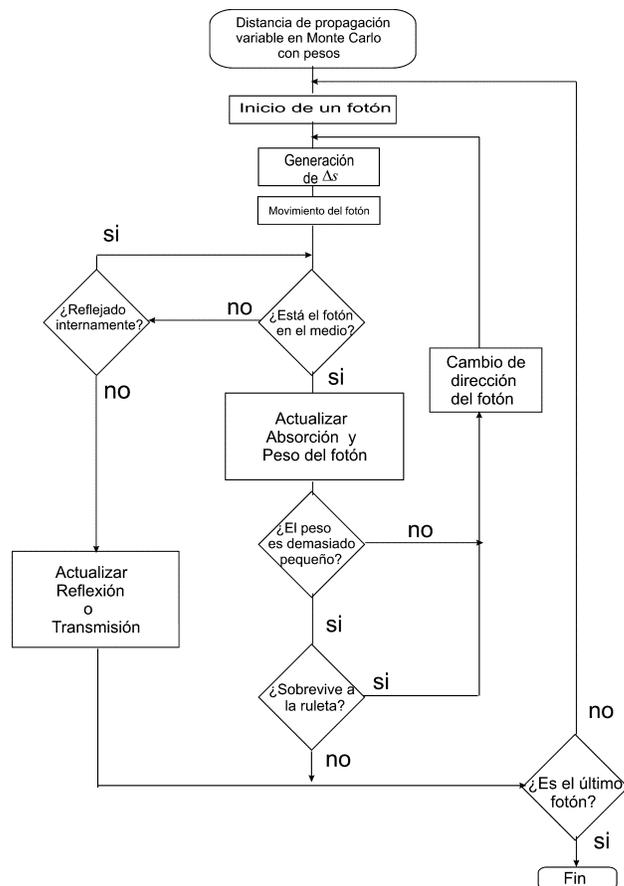


FIGURA 3. Diagrama de flujo del programa MCML

nes. Se encuentra la distancia de la primera interacción y el paquete de fotones se mueve. Si el fotón ha dejado el tejido, se verifica la posibilidad de reflexión interna. Si el fotón es reflejado internamente entonces se ajusta su posición adecuadamente y el programa continúa, en el otro caso el fotón escapa y se guarda el evento. Para los fotones con los cuales el programa sigue, una fracción del paquete de fotones se absorberá en cada paso del recorrido. Se guarda esta fracción y se ajusta el paso del fotón. Si el peso es mayor que un valor umbral mínimo, entonces el resto del paquete de fotones se esparce en una nueva dirección y se repite el proceso. Si el peso cae por abajo del mínimo, entonces se aplica un algoritmo llamado de ruleta para decidir terminar o continuar la propagación del fotón. Si el fotón no sobrevive a la ruleta, se inicia un nuevo paquete de fotones [10].

### 5. Algoritmos genéticos

El método de optimización conocido como algoritmos genéticos engloba técnicas que simulan la evolución natural de las especies. Parte de un hecho observado en la naturaleza: los organismos vivos tienen la capacidad de solucionar los problemas que se les presentan a través del proceso de evolución natural de las especies.

Los algoritmos genéticos empiezan con un conjunto inicial de soluciones llamado *población*. Cada individuo de la

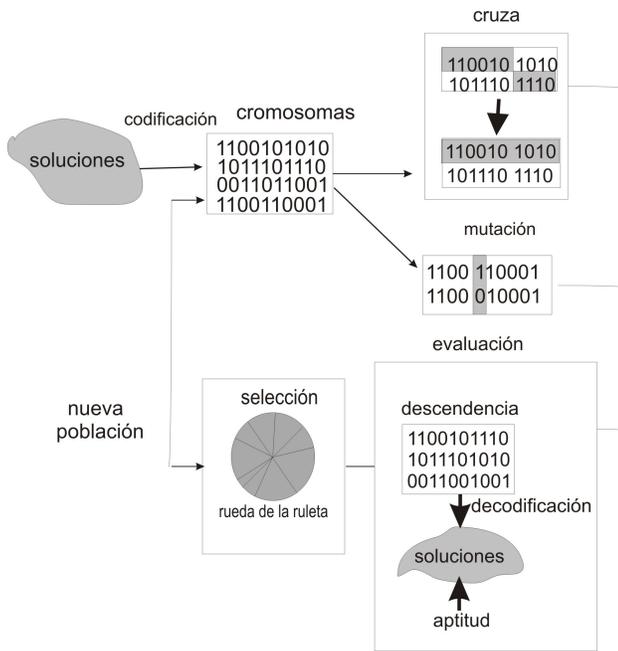


FIGURA 4. Estructura general de un algoritmo genético.

población tiene uno o más *cromosomas* y representa una solución al problema. Un cromosoma es una cadena de bits representados en forma binaria; los cromosomas evolucionan a través de iteraciones, llamadas *generaciones*. Durante cada generación, los cromosomas son evaluados mediante una *función de aptitud*. Para crear la siguiente generación, los nuevos, llamados *descendencia*, se forman combinando dos cromosomas de la generación actual usando un operador de *cruza* o modificando un cromosoma por medio de un operador de *mutación*. Una nueva generación se forma seleccionando, de acuerdo con su grado de aptitud, algunos de los padres e hijos y rechazando otros de tal forma que el tamaño de la población se mantenga constante [11]. La Fig. 4 ilustra el proceso aquí descrito.

## 6. Programa GA-MCML

En esta sección describimos al programa Genetic Algorithms and Monte Carlo Multi-Layered (GA-MCML) que se desarrolló con el objetivo de calcular los parámetros ópticos de un tejido biológico a través del conocimiento previo de la reflectancia y transmitancia (total y colimada) correspondientes a éste.

### 6.1. Modelo de algoritmo genético usado

En primer lugar, se crea una población de 100 individuos representados por cadenas binarias aleatorias. Cabe mencionar que la generación aleatoria de ceros y unos está asociada con la opción "Randomize timer" del compilador *Visual Basic 6.0*<sup>®</sup> que garantiza una semilla diferente en cada instante, puesto que la calcula basándose en el número de segundos que han transcurrido a partir de la hora cero del presente día.

La longitud de cada cadena depende de la precisión requerida. En nuestro caso hemos elegido una precisión de tres dígitos decimales, por lo tanto, el número de genes necesario es 13 para la variable  $\mu_a$  y 10 para la variable  $g$  dando un total de 23 para cada cromosoma, puesto que el rango elegido para  $\mu_a$  es  $[0,5]$  y para  $g$  es  $[0,1]$ .

El siguiente paso es decodificar las cadenas binarias para obtener números reales:

$$\mu_a = 0 + \sum_{i=0}^{m_j-1} b_{m_j-i} 2^i \times \frac{5-0}{8191}, \quad (5)$$

$$g = 0 + \sum_{i=0}^{m_j-1} b_{m_j-i} 2^i \times \frac{1-0}{1023}. \quad (6)$$

Ahora que el programa ha generado aleatoriamente  $\mu_a$  y  $g$ , es necesario obtener  $\mu_s$ . Para lo cual se hace uso de los conceptos básicos de la óptica de los tejidos biológicos y la ley de Beer-Lambert obteniéndose la expresión:

$$\mu_s = -\frac{1}{t} \ln(T_c) - \mu_a \quad (7)$$

donde  $T_c$  es la transmitancia colimada medida experimentalmente y  $t$  es el grosor de la muestra.

Hasta este momento, se tienen los tres parámetros fundamentales, lo que falta es saber qué tan óptimos son como solución al problema. Para conocer el grado de aptitud de los parámetros generados, el programa procede a evaluarlos mediante la llamada función de aptitud.

A continuación, el programa GA-MCML deberá seleccionar la combinación de parámetros que mejor se adapte como solución por medio del método denominado rueda de la ruleta.

En este momento es conveniente aplicar el operador de *cruza*, que en esta ocasión, consiste en tomar aleatoriamente dos puntos de cruce, uno en la primera variable y otro en la segunda, en el cromosoma. Después tomar cromosomas en parejas e intercambiar la primera sección (a la izquierda de cada punto de cruce) de un cromosoma con la segunda sección (a la derecha de cada punto de cruce) de su pareja. Es importante tomar en cuenta que la *cruza* se realiza al 50% para no alterar el tamaño de la población. Aplicar el operador de *mutación*, aquí significa elegir aleatoriamente un gen de algún cromosoma y cambiarlo, es decir si es cero convertirlo en uno y viceversa. Hasta aquí lo único que falta para resolver el problema es evolucionar, o sea iterar lo suficiente para obtener los parámetros que mejor resuelvan nuestro problema.

### 6.2. Implementación del método Monte Carlo dentro del programa

El programa MCML contiene diferentes rutinas escritas en lenguaje C, un archivo de entrada (*sample.mci*), un archivo de salida (*sample.mco*) y un archivo ejecutable (*mcml.exe*).

El archivo de entrada puede ser modificado por el usuario, quien debe especificar las magnitudes físicas necesarias

tales como el número de capas que se simularán, el número de fotones que serán lanzados al inicio y las características de la estructura tridimensional (malla) que servirá para saber la ubicación de cada fotón en cualquier momento. De igual forma, el usuario detalla los valores de los parámetros ópticos de los tejidos involucrados en cada capa: índice de refracción ( $n$ ), grosor ( $t$ ), factor de anisotropía ( $g$ ), coeficiente de absorción ( $\mu_a$ ) y coeficiente de esparcimiento ( $\mu_s$ ); las unidades de longitud o inverso de longitud se expresan siempre en centímetros dentro de este archivo para no interferir con lo establecido en la estructura del código. Finalmente, el usuario debe precisar los índices de refracción de los medios superior e inferior que acotan el conjunto de capas (una sola en nuestro caso) que forman la muestra de tejido.

El archivo `mcml.exe` se ejecuta escribiendo el nombre y extensión del archivo de entrada, el cual es leído y se crea el archivo de salida que contiene toda la información acerca de la muestra de tejido simulada.

El programa GA-MCML debe ejecutar el programa de Monte Carlo 100 veces por cada generación, puesto que para seleccionar qué tan aptos son los individuos, es necesario conocer los valores para la reflectancia y transmitancia que cada individuo produce. Como `mcml.exe` se ejecuta escribiendo manualmente el nombre y extensión del archivo de entrada, decidimos modificar su código fuente para que dicho programa se ejecute de manera automática desde GA-MCML. Además, tanto la escritura en el archivo `sample.mci` como la lectura en `sample.mco` se hacen con ayuda del comando "shell" de *Visual Basic 6.0*<sup>®</sup> [12].

### 6.3. Función de aptitud

El problema de cómo elegir la función de aptitud debe considerarse cuidadosamente para que se pueda alcanzar una mayor aptitud y verdaderamente signifique una solución mejor para el problema dado. Si se elige mal una función de aptitud o se define de manera inexacta, puede que el algoritmo genético sea incapaz de encontrar una solución al problema, o puede acabar resolviendo el problema equivocado.

En este caso, la función de evaluación esta relacionada con los valores que encuentra Monte Carlo, pues debe comparar los valores de transmitancia y reflectancia simulados con los experimentales y buscar que la diferencia entre ambos sea mínima,

$$f_k = (T_e - T_s)^2 + (R_e - R_s)^2 \quad (8)$$

donde el subíndice  $e$  significa que las cantidades son experimentales y el subíndice  $s$  que son simuladas.

Existen métodos de escalamiento a la función de aptitud, que sirven para mejorar el desempeño de ésta, hemos optado por el siguiente:

$$f'_k = \exp \left[ \frac{f_k}{T} \right] \quad (9)$$

donde  $f_k$  es la función de aptitud original y  $T$  es un parámetro que controla su presión (la presión es baja cuando  $T$  es alto).

Tenemos el inconveniente de que los algoritmos genéticos sólo saben maximizar y nosotros queremos minimizar, por lo que hemos optado por maximizar el argumento de la exponencial y posteriormente cambiar la función exponencial positiva por una negativa.

Debido a que las diferencias no son del mismo orden, hemos incluido dos factores de peso de acuerdo con éstas magnitudes. También realizamos pruebas y encontramos que el mejor valor para  $T$  es  $1/5$ . Por lo tanto nuestra función de aptitud queda:

$$f = \exp \left[ -5[(w_1 \Delta T)^2 + (w_2 \Delta R)^2] \right] \quad (10)$$

donde  $\Delta T$  y  $\Delta R$  son las diferencias entre cantidades simuladas con experimentales para transmitancia y reflectancia respectivamente.

## 7. Resultados

En este trabajo reportamos únicamente resultados obtenidos mediante simulación, con el objetivo de presentar el programa GA-MCML. Los resultados experimentales con tejidos biológicos reales serán objeto de trabajo futuro.

Se debe aclarar que los ejemplos corresponden a una recopilación de diversos tejidos analizados con diferentes técnicas reportados en la literatura [1]. En la Tabla I se muestran dicho parámetros.

Se han calculado las transmitancias y reflectancias de los parámetros mencionados usando el programa MCML; de igual manera se han calculado las transmitancias colimadas con la expresión

$$T_c = \exp[-t(\mu_s + \mu_a)], \quad (11)$$

que representa la ley de Beer- Lambert. Estos valores se muestran en la Tabla II.

TABLA I. Parámetros publicados en la literatura, cuyo análisis fue realizado usando una longitud de onda  $\lambda=633$  nm

	$\mu_a$	$\mu_s$	$g$
Aorta humana	0.52	316	0.87
Aorta humana: intima	3.6	171	0.85
Aorta humana: media	2.3	310	0.9
Dermis humana	2.7	187	0.81

TABLA II.  $T$ ,  $R_d$  y  $T_c$  correspondientes a los parámetros publicados en la literatura

	$T$	$R_d$	$T_c$
Aorta humana	0.27112	0.512616	1.79E-14
Aorta humana: intima	0.141875	0.202596	2.61E-08
Aorta humana: media	0.173107	0.293955	2.74E-14
Dermis humana	0.137694	0.291763	5.77E-09

TABLA III. Recuperación de parámetros ópticos característicos de ciertos tejidos biológicos mediante la técnica de Kubelka-Munk y el programa GA-MCML

	Publicados	K-M	GA-MCML
<b>Aorta humana</b>			
$\mu_a$	0.52	1.30377	0.518
$\mu_s$	316	315.236	316.021
$g$	0.87	0.92969	0.864
<b>Aorta humana: íntima</b>			
$\mu_a$	3.6	6.27503	3.564
$\mu_s$	171	168.338	171.049
$g$	0.85	0.92216	0.847
<b>Aorta humana: media</b>			
$\mu_a$	2.3	4.43115	2.35
$\mu_s$	310	307.851	309.932
$g$	0.9	0.947039	0.904
<b>Dermis humana</b>			
$\mu_a$	2.7	5.11623	2.791
$\mu_s$	187	184.59	186.914
$g$	0.81	0.9014	0.816

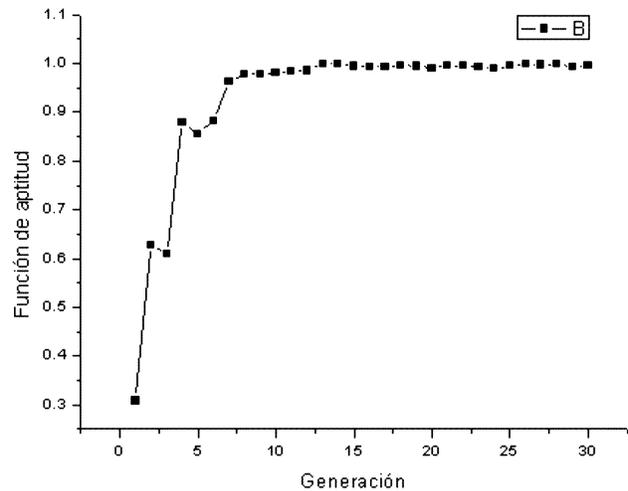


FIGURA 6. Gráfica de evolución correspondiente al ejemplo de la dermis humana.

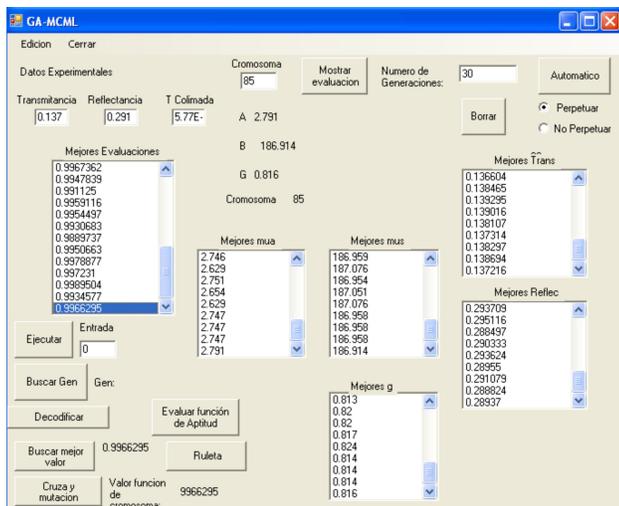


FIGURA 5. GA-MCML con 5000 fotones

Con estas tres cantidades, que deberían ser medidas experimentalmente, hemos recuperado los parámetros ópticos  $\mu_a$ ,  $\mu_s$  y  $g$  de los tejidos biológicos mediante dos técnicas: teoría simplificada de Kubelka-Munk y nuestro programa GA-MCML (Tabla III).

Los valores mostrados en la última columna de la Tabla III se obtuvieron usando 5000 fotones en cada caso y como es posible observar, los resultados que ofrece el programa GA-MCML superan a los propuestos usando el método de Kubelka-Munk.

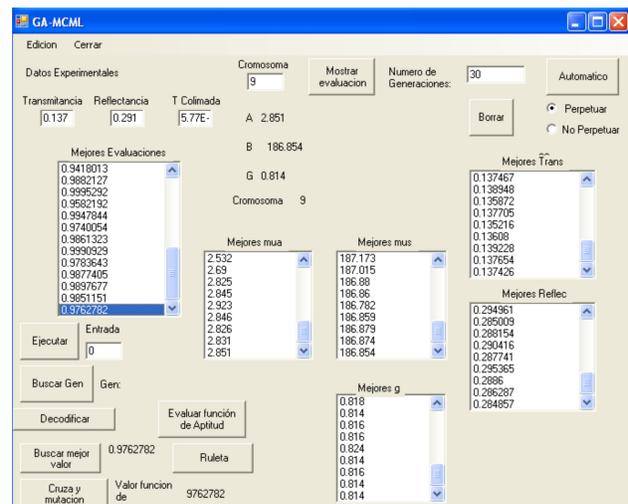


FIGURA 7. Programa GA-MCML mostrando un ejemplo.

En la Fig. 5 presentamos la imagen del programa GA-MCML recuperando los parámetros ópticos de la dermis humana y usando 5000 fotones.

En seguida, en la Fig. 6 se observa la grafica de evolución correspondiente al ejemplo mostrado anteriormente.

Aquí presentamos algunos resultados encontrados a través del programa GA-MCML usando 30 generaciones y 3000 fotones (Fig. 7).

Como podemos observar de la figura 6, existe un botón llamado perpetuar cuya función es mantener dentro de la población actual el mejor miembro de la población anterior. Sin embargo, debido a que Monte Carlo es estocástico, existe el riesgo de que el mejor individuo de la última generación no sea el más óptimo. La gráfica de evolución se muestra en la Fig. 8.

Para evitar el riesgo comentado anteriormente, se ha incluido en el programa GA-MCML la opción de almacenar

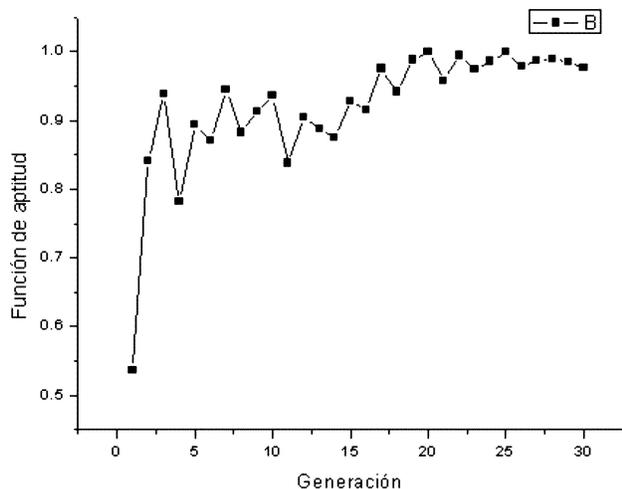


FIGURA 8. Gráfica representativa de la manera en que trabaja GA-MCML.

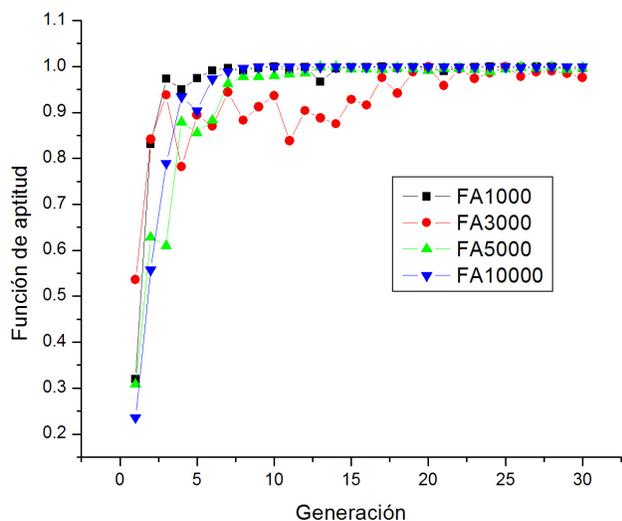


FIGURA 9. Valores adoptados por la función de aptitud usando 1000, 3000, 5000 y 10 000 fotones

toda la información de los mejores individuos de cada generación, y de esta manera recuperar al más óptimo en cualquier momento.

Otra manera para que el algoritmo funcione mejor es aumentando el número de fotones, como se muestra en la Fig. 9.

## 8. Conclusiones

El programa desarrollado está basado en la lógica evolutiva de algoritmos genéticos y permite calcular los parámetros ópticos de los tejidos biológicos con la precisión que ofrece Monte Carlo en el problema inverso. La importancia de este trabajo radica en hacer posible el conocimiento de las características ópticas de cualquier tejido y posteriormente poder atacar con algún procedimiento prudente.

Durante el desarrollo y ejecución del programa GA-MCML nos hemos percatado de que existe un compromiso entre la precisión dada por Monte Carlo y el tiempo de cómputo requerido, pues entre más fotones, la precisión aumenta y la ejecución toma más tiempo. Una manera de mejorar la búsqueda de parámetros ópticos es cambiar la función de aptitud. Cabe mencionar que hasta el momento no hemos encontrado una que muestre un mejor comportamiento. Sin embargo, en el futuro es posible proponer alguna función de aptitud que sea más rigurosa y reemplazar la existente.

Finalmente, hacemos notar que todas las simulaciones se han realizado tomando datos de algunas publicaciones existentes, pero después se harán con datos experimentales medidos con esferas integradoras. Las muestras serán de tejidos biológicos y de sustancias sintéticas denominadas phantoms.

1. W.F. Cheong, S.A. Prahly y A.J. Welch, *IEEE J. of Quan. Elec.* **26** (1990) 2166.
2. A. Roggan, M. Friebel y K. Dörschel, *Journal of Biomedical Optics* **4** (1999).
3. M.S. Patterson, *Applied Optics* **28** (1989).
4. L.V. Wang, Hsin-i Wu, *Biomedical Optics* (John Wiley & Sons 2007).
5. A. Roggan, G. Müller, and M. Meinke, *Journal of Biomedical Optics* **11** (2006) 034021.
6. V. Tuchin, *Tissue Optics* (SPIE Press 2000).
7. J.W. Pickering, J.M. Moes, *Optical Society of America* **9** (1992) 621.
8. P. Kubelka and F. Munk, *An article on optics of paint layers* (1931).
9. Lihong Wang and S.L. Jacques, *Monte Carlo Modeling of Light Transport in Multi-layered Tissues in Standard C* (1998).
10. S.A. Prahly, M. Keijzer, S.L. Jacques y A.J. Welch, *A Monte Carlo model of light propagation in tissue SPIE Institute Series* **IS** (1989) 102.
11. Mitsuo Gen Runwei Cheng, *Genetic Algorithms and Engineering Design* (John Wiley & Sons 1997).
12. F.J. Ceballos, *Enciclopedia de Microsoft Visual Basic* (Alfaomega 2006).